



VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

“Recursos Genéticos e Bioeconomia:
Inovação para um Futuro Sustentável”

Anais do VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

ISBN 978-65-88187-01-2



VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

RECURSOS GENÉTICOS E BIOECONOMIA: INOVAÇÃO PARA UM FUTURO SUSTENTÁVEL

Realização:



Apoio:



Secretaria de
Agricultura e Abastecimento | Secretaria de
Sustentabilidade e Meio Ambiente



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO

MINISTÉRIO DO
MEIO AMBIENTE



Patrocínio:





VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

RECURSOS GENÉTICOS E BIOECONOMIA: INOVAÇÃO PARA UM FUTURO SUSTENTÁVEL

Anais do VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
09 a 12 de novembro de 2020

Edição on-line

ISBN nº 978-65-88187-01-2



Apresentação

VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos - VI CBRG

O Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos nesta sexta edição, apresentou como tema principal: Recursos Genéticos e Bioeconomia: Inovação para um Futuro Sustentável” e teve como objetivo principal apresentar temas relacionados à conservação e uso da biodiversidade brasileira, com foco especial para a promoção da Bioeconomia.

O evento foi realizado de 09 a 12 de novembro de 2020 em formato totalmente digital em razão da pandemia do Covid-19.

Dentro desse formato, foi possível dar uma maior visibilidade ao tema recursos genéticos, ampliando a compreensão de todos sobre sua importância para o nosso dia a dia.

A programação contemplou as três grandes áreas: animal, microbiana e vegetal, totalizando 29 palestras com pesquisadores de várias instituições de ensino e pesquisa, abordando temas atuais e as interfaces dos recursos genéticos com a bioeconomia.

Para garantir a entrega de um bom conteúdo, as palestras foram gravadas previamente e disponibilizadas, no canal da SBRG, na plataforma Youtube, dessa forma elas podem ser assistidas a qualquer momento e quantas vezes necessário, não apenas pelos congressistas, mas também por pessoas interessadas em conhecer mais sobre os recursos genéticos.

Evento: VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos - VI CBRG

Período: 09 a 12 de novembro de 2020

Local: Canal SBRG Youtube: (<https://www.youtube.com/channel/UCHE78qruOytieB57DaPpyCg>)

Realização:

Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

Instituições Parceiras:

Ministério do Meio Ambiente

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – CENARGEN

Embrapa Mandioca e Fruticultura – CNPMF

Embrapa Agroindústria Tropical - CNPAT

Universidade Estadual de São Paulo – UNESP

Universidade de São Paulo – USP

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB

Instituto de Zootecnia de São Paulo - IZ

Instituto Florestal de São Paulo - IF



Comissão Organizadora

Presidente

Fernanda Vidigal Duarte Souza – EMBRAPA Mandioca e Fruticultura

Presidente de Honra

Lara Durães Sette - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"

Vice-Presidente

Rosa Lia Barbieri - EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia

Secretário Geral

Juliano Gomes Pádua - EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia

Coordenador Científico Geral

Marcos Ap. Gimenes - EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia

Coordenador Área Animal

Lenira El Faro - Instituto de Zootecnia

Coordenador Área Microrganismos

Fernando Dini Andreote - ESALQ/USP

Coordenador Área Vegetal

Miguel Luiz Menezes Freitas - Instituto Florestal de São Paulo

Comissão de Apoio Digital

Eva Maria Rodrigues Costa - Faculdade Maria Milza

Everton Hilo de Souza - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Marcos Vinicius Bohrer Monteiro Siqueira - Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

Comissão Científica

Área Animal

Annaiza Braga Bignardi Santana - Universidade Federal de Rondonópolis

Gregório Camargo - Universidade Federal da Bahia

Maria Eugênia Zerlotti Mercadante - Instituto de Zootecnia

Nedenia Bonvino Stafuzza - Instituto de Zootecnia (remover)

Priscilla Arrigucci Bernardes - Universidade Federal de Santa Catarina

Raphael Bermal Costa - Universidade Federal da Bahia

Marcos Eli Buzanskas - Universidade Federal da Paraíba

Alejandra Maria Toro Ospina - Universidade de la Amazonia



Mario Luiz Santana Junior - Universidade Federal de Rondonópolis
Rodrigo Junqueira Pereira - Universidade Federal de Rondonópolis
Juliana Varchaki Portes - Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto - Embrapa Gado de Leite
Denise Rocha Ayres - Universidade Federal de Rondonópolis

Área Microbiana

Adailson Feitoza de J. Santos - Universidade do Estado da Bahia
Carla Taddei de Castro Neves - Universidade de São Paulo
Cristiane Cipolla Fasanella Andreote - Andrios Assessoria
Fernando Dini Andreote - Universidade de São Paulo (ESALQ)
Lara Durães Sette - Universidade Estadual Paulista (UNESP/Rio Claro)

Área vegetal

Bruno Marchetti Sousa - Universidade Estadual Paulista – FEIS
Wanderley dos Santos - Instituto Florestal
Daniela Ivana Paiva - Universidad de Buenos Aires (FCEN - UBA)
Jannaína Velasques da Costa Pinto - Universidade Federal do Sul da Bahia – UFSB
Marcela Aparecida de Moraes - USP/FFCLRP
Luciane Missae Sato - Universidade Estadual Paulista - FEIS
Mara Fernandes Moura - IAC Fruteiras Perenes e Vitivicultura
Maria Aparecida Vieira - Instituto de Biociências - UNESP/ Botucatu
Flaviane Malaquias Costa - ESALQ/USP
José dos Santos Neto - IDR Paraná
Elizabeth A. Veasey - ESALQ/USP
Luís Carlos Bernacci - Instituto Agrônômico – IAC
Carlos Colombo - Instituto Agrônômico – IAC
Ana Cristina da Fonseca Ziegler - Unicentro – PR
Cinthia Souza Rodrigues - Instituto Agrônômico – IAC
Rafael H. Roque - ESALQ/USP
Lucas Fernandes Rocha - Universidade Estadual Paulista - UNESP
Evandro Tambarussi - Unicentro – PR
Matheus Perek - Unicentro – PR
Fernanda Bortolanza Pereira - Universidade Estadual Paulista - UNESP
Eliane Gomes Fabri - Instituto Agrônômico – IAC



VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

RECURSOS GENÉTICOS E BIOECONOMIA: INOVAÇÃO PARA UM FUTURO SUSTENTÁVEL

Diretoria SBRG

Presidente: Fernanda Vidigal Duarte Souza

Vice-Presidente: Rosa Lia Barbieri

Diretor Financeiro: Juliano Gomes Pádua

Vice-Diretor Financeiro: Janay Almeida dos Santos Serejo

Diretor Técnico e de Divulgação: Renato Ferraz de Arruda Veiga

Vice-Diretor Técnico e de Divulgação: Marcos Vinícius B. M. Siqueira

Diretora de Eventos: Ana Cecília Ribeiro de Castro

Vice-Diretora de Eventos: José dos Santos Neto

Diretor de Redes Regionais e Curadorias: Manoel Abílio de Queiroz

Vice-Diretora de Redes Regionais e Curadorias: Semíramis Rabelo R. Ramos

Secretário Executivo: Everton Hilo de Souza



Sumário

<i>Recursos Genéticos Animais</i>	28
<i>1- Impactos econômicos, sociais e ambientais</i>	28
ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA PARTO PRECOCE AOS 24 E 26 MESES DE IDADE EM NOVILHAS DA RAÇA NELORE	29
ESTUDOS DE ASSOCIAÇÃO E ONTOLOGIA GÊNICA EVIDENCIAM O CONTROLE NEUROENDÓCRINO DA PRECOCIDADE SEXUAL AOS 28 E 30 MESES DE IDADE EM NOVILHAS NELORE	30
EFEITO DO ESTRESSE TÉRMICO SOBRE AS CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS	31
RELAÇÃO ENTRE CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL E TAMANHO CORPORAL DE TOUROS JOVENS DA RAÇA NELORE	32
COMPOSIÇÃO MINERALÓGICA DO MEL DE TÍUBA (MELIPONA FASCICULATA SMITH) EM UMA MINERADORA	33
ETNOCONHECIMENTO DA COMUNIDADE ESCOLAR CIRCUNVIZINHA DA UNIVERSIDADE ESTADUAL DO MARANHÃO SOBRE ABELHAS NATIVAS	34
<i>Recursos Genéticos Animais</i>	35
<i>2- Caracterização genética e fenotípica</i>	35
EFEITOS DO ESTRESSE CALÓRICO SOBRE A PRODUÇÃO DE LEITE DE BÚFALAS LEITEIRAS NO BRASIL	36
GENÉTICA DA TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO NA PRODUÇÃO DE LEITE EM BÚFALOS LEITEIROS AVALIADA POR UM MODELO DE NORMA DE REAÇÃO	37
POTENCIAL PRODUTIVO DE CORDEIROS NATIVOS ASSOCIADO ÀS CARACTERÍSTICAS DA CARÇA E CARNE	38
ANÁLISE DE HERANÇA MUTACIONAL DE GALINHAS FRISADAS O MEIO-NORTE DO BRASIL	39
DESCRIPTORIOS MORFOLÓGICOS DE GALINHAS DA SUB-REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL	40
CORRIDAS DE HOMOZIGOSE DE SEIS RAÇAS BOVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS NO BRASIL	41
PADRONIZAÇÃO E VALIDAÇÃO DE PROTOCOLO PARA DNA BARCODING DE ÁCAROS (ARACHNIDA)	42
VIAS BIOLÓGICAS ASSOCIADAS COM OCORRÊNCIA DE PARTO PRECOCE EM NOVILHAS DA RAÇA NELORE	43
GENES CANDIDATOS À SELEÇÃO IDENTIFICADOS EM ASSOCIAÇÃO COM “STAYABILITY” EM FÊMEAS DA RAÇA NELORE	44



TERMOGRAFIA INFRAVERMELHA NA AVALIAÇÃO DO ESTRESSE TÉRMICO EM BOVINOS DE CORTE.....	45
DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO EM SEIS RAÇAS BOVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS NO BRASIL	46
DIFERENÇAS FENOTÍPICAS E GENÉTICAS EM LINHAGENS DE BOVINOS CARACU	47
TAMANHO EFETIVO DE POPULAÇÃO DE SEIS RAÇAS BOVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS NO BRASIL	48
BOVINO CURRALEIRO: UM IMPORTANTE RECURSO GENÉTICO EM RISCO DE EXTINÇÃO NO BRASIL	49
CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DO ECÓTIPO PERU PRETO CAIPIRA (<i>Meleagris gallopavo</i> L.)50	
CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DOS OVOS DO ECÓTIPO PERU PRETO CAIPIRA (<i>Meleagris gallopavo</i> L.)	51
EFEITO DA TEMPERATURA AMBIENTAL NOS PARÂMETROS HEMATOLÓGICOS DE BOVINOS CARACU	52
BIOMETRIA ASSOCIADA AO ÚBERE DE OVELHAS MORADA NOVA, VARIEDADES VERMELHA E BRANCA.....	53
ASSOCIAÇÃO DE PARÂMETROS FISIOLÓGICOS E EXPRESSÃO DE PROTEÍNAS DE ESTRESSE TÉRMICO EM BOVINOS TAURINOS E ZEBUÍNOS.....	54
ASPECTOS FISIOLÓGICOS DE ADAPTABILIDADE EM CABRAS E OVELHAS NATIVAS DE PELAME PRETO CRIADAS EM REGIÃO SEMIÁRIDA	55
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA HABILIDADE DE PERMANÊNCIA EM BOVINOS CARACU ...	56
INDICADORES DE PRECOCIDADE SEXUAL EM BOVINOS DA RAÇA CARACU	57
MEDIDAS CORPORAIS DE OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA, VARIEDADE BRANCA: CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE UM RECURSO GENÉTICO EM RISCO DE EXTINÇÃO	58
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO CORPORAL E PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GIR LEITEIRO NOS TRÓPICOS.....	59
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CONTAGEM DE CARRAPATOS EM BOVINOS HEREFORD E BRAFORD	60
EFICIÊNCIA NA PERDA E GANHO DE CALOR CORPORAL DE CABRAS CANINDÉ EM AMBIENTE EQUATORIAL SEMIÁRIDO	61
PESO CORPORAL DE ZANGÕES AFRICANIZADOS SITUADOS NA REGIÃO SEMIÁRIDA	62
AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA DA VARIEDADE BRANCA PARA ELABORAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE CONSERVAÇÃO	63
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA GANHO DE PESO E CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA EM BOVINOS NELORE COM E SEM INCLUSÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA	64



CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR, DESEMPENHO E CARÇA EM FÊMEAS CARACU.....	65
INFLUÊNCIA DO COMPORTAMENTO INGESTIVO DE ÁGUA E RAÇÃO NO CONSUMO DE MATÉRIA SECA E GANHO MÉDIO DIÁRIO EM BOVINO DE CORTE	66
META-ANÁLISE EM ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE DE PESOS EM DIFERENTES IDADES EM BOVINOS DA RAÇA NELORE	67
CRESCIMENTO DE PORCOS MOURA EM SISTEMA SEMI-INTENSIVO AO AR LIVRE	68
HERDABILIDADE E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS GUZERÁ SOB SELEÇÃO	69
ANÁLISE DE FATORES EM CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA	70
TENDÊNCIA DE COMPONENTES GENÉTICOS ASSOCIADOS À TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO PARA PESO AO NASCIMENTO DE BOVINOS BRAFORD E BRANGUS.....	71
ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS DE CARÇA MEDIDAS POR ULTRASSONOGRRAFIA E ESCORES VISUAIS NAS RAÇAS BRAFORD E BRANGUS	72
ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS DE CARÇA MEDIDAS POR ULTRASSONOGRRAFIA, CRESCIMENTO E REPRODUÇÃO NAS RAÇAS BRAFORD E BRANGUS ...	73
INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE DEVIDO AO ESTRESSE TÉRMICO NO FINAL DA GESTAÇÃO SOBRE O PESO AO NASCIMENTO DE BOVINOS BRAFORD E BRANGUS	74
AValiação GENÉTICA PARA DISPLASIA COXOFEMORAL EM CANINOS DA RAÇA BOIADEIRO BERNÊS.....	75
TENDÊNCIA DE COMPONENTES GENÉTICOS ASSOCIADOS À TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO PARA GANHO EM PESO PRÉ-DESMAMA DE BOVINOS BRAFORD E BRANGUS	76
CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS DE TOUROS DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS SUBMETIDOS A PRESENÇA E AUSÊNCIA DE SOMBRA NO CENTRO-OESTE DO BRASIL	77
CARACTERÍSTICAS DO SÊMEN CONGELADO DE TOUROS DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS SUBMETIDOS A PRESENÇA E AUSÊNCIA DE SOMBRA NO CENTRO-OESTE DO BRASIL	78
ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA PRODUÇÃO DE <i>MOZZARELLA</i> EM BUBALINOS .	79
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE INFESTAÇÃO DE CARRAPATOS E NÍVEIS DE INFECÇÃO POR <i>Babesia Bovis</i> EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS	80
EFEITO DO ESTRESSE TÉRMICO DURANTE O FINAL DA GESTAÇÃO EM CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA AVALIADAS AO SOBREANO EM BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS	81
PARÂMETROS GENÉTICOS LIGADOS À TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO DURANTE O FINAL DA GESTAÇÃO NO GANHO DE PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS BRAFORD E BRANGUS	82



ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA ABELHA TIÚBA (<i>MELIPONA FASCICULATA</i> SMITH, 1854 - HYMENOPTERA, APIDAE) BASEADA NO MARCADOR MOLECULAR ISSR (INTER SIMPLE SEQUENCE REPEATS)	83
AVALIAÇÃO DE ESTRESSE AMBIENTAL EM GALINHAS CAPIRAS BRASILEIRAS VIA ASSIMETRIA FLUTUANTE	84
ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA PROFUNDIDADE DE ÚBERE EM BOVINOS GIR ..	85
Evaluation of Inbreeding Using Whole Genome Sequencing of Nelore Cattle	86
INFLUÊNCIA DO CONSUMO DE MATÉRIA SECA EM CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA EM BOVINO DE CORTE	87
DETECÇÃO DE VARIAÇÕES DE NUCLEOTÍDEOS ÚNICOS E INDELS A PARTIR DO RESSEQUENCIAMENTO DO GENOMA DE TOUROS GIR	88
ANÁLISE GENÔMICA DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM VACAS LEITEIRAS.....	89
CAPACIDADE DE TRANSMISSÃO DE QUALIDADES DO LEITE: VOLUME, PROTEÍNA E GORDURA	90
DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE GALINHAS COMERCIAIS E NATIVAS.....	91
ANÁLISE PRELIMINAR DA ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL DE GALINHAS NIGERIANAS	92
DIVERSIDADE DE HAPLÓTIPOS DA REGIÃO PARCIAL DO GENE COI EM ESPÉCIES DO GÊNERO <i>Odontesthes</i> (ATHERINOPSIDAE).....	93
DISTRIBUIÇÃO DAS FREQUÊNCIAS ALÉLICAS DE MARCADORES SNPs EM GALINHAS BRASILEIRAS	94
MARCADORES SNPs POR CLASSES DE FREQUÊNCIAS ALÉLICAS EM GALINHAS NIGERIANAS, CHINESAS E EUROPEIAS	95
VARIAÇÃO DO ADN MITOCONDRIAL NA ABELHA DA MEL (<i>Apis mellifera</i> L.) DO PERÚ BASADO NA REGIÃO INTERGÊNICA tRNA ^{LEU} -COX2	96
UMA FERRAMENTA TECNOLÓGICA PARA IDENTIFICAR DIFERENÇAS NAS MICROESTRUTURAS NO PELO DE OVINOS LOCALMENTE ADAPTADOS	97
<i>Recursos Genéticos Animais</i>	98
<i>3- Sistemas de Produção e Manejo</i>	98
ESTADO DA ARTE DA CRIAÇÃO DE GALINHAS DA RAÇA ÍNDIO GIGANTE NO BRASIL	99
O USO “ÓTIMO” DOS RECURSOS GENÉTICOS LOCALMENTE ADAPTADOS EM SISTEMAS DE PRODUÇÃO ANIMAL.....	100
ESTRATÉGIAS PARA TRATAMENTO SELETIVO EM OVINOS NATIVOS NATURALMENTE INFECTADOS POR ENDOPARISITÓSES EM REGIÃO SEMIÁRIDA.....	101



RELAÇÃO ENTRE AS MEDIDAS DE CONTROLE DAS ENDOPARASITOSE E INDÍCIOS DE ANEMIA CAUSADA POR HAEMONCHUS CONTORTUS EM CABRAS DA RAÇA CANINDÉ	102
MÉTODO FAMACHA® COMO CRITÉRIO DE TRATAMENTO SELETIVO NO AUXÍLIO À CONSERVAÇÃO DA RAÇA CANINDÉ. “É USUAL PARA CAPRINOS DESSA RAÇA?”	103
MEL DE TIÚBA: AUMENTO DA PRODUÇÃO DE MEL POR MEIO DA MELIPONICULTURA MIGRATÓRIA EM SATUBA, MARANHÃO, BRASIL.....	104
MEL DE TIÚBA: AUMENTO DA PRODUÇÃO DE MEL POR MEIO DO MELHORAMENTO GENÉTICO DE RAINHAS DE <i>Melipona fasciculata</i> SMITH DA BAIXADA MARANHENSE, BRASIL	105
INCIDÊNCIA DE CARCINOMA DE CÉLULAS ESCAMOSAS EM OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA, VARIEDADE BRANCA.....	106
MEL DE TIÚBA: AUMENTO DA PRODUÇÃO DE MEL POR MEIO DA MELIPONICULTURA MIGRATÓRIA EM PALMEIRÂNDIA-MA	107
EFEITO DA HETEROSE PARA A PRODUÇÃO DE LEITE EM VACAS GIROLANDO COM DIFERENTES ORDENS DE LACTAÇÃO	108
EFEITOS DE HETEROSE E RECOMBINAÇÃO PARA A CURVA DE LACTAÇÃO EM VACAS GIROLANDO.....	109
TESTE DE PATERNIDADE E MATERNIDADE COMO FERRAMENTA: OTIMIZANDO A REPRODUÇÃO DE <i>Astyanax lacustris</i> EM CULTIVO.....	110
AVALIAÇÃO DA COMPOSIÇÃO POLÍNICA DE AMOSTRAS DE MEL DE <i>Melipona fasciculata</i> ORIUNDAS DA BAIXADA MARANHENSE, MA.....	111
EFEITO DE HETEROSE NA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS DA RAÇA GIROLANDO	112
AVALIAÇÃO DA COMPOSIÇÃO FÍSICA E QUÍMICA DE AMOSTRAS DE MEL DE <i>Melipona fasciculata</i> Smith ORIUNDAS DA BAIXADA MARANHENSE, MA.....	113
EFEITO DE HETEROSE NO PRIMEIRO INTERVALO ENTRE PARTOS EM BOVINOS DA RAÇA GIROLANDO.....	114
<i>Recursos Genéticos Animais</i>	115
4- Biotecnologia aplicada	115
PERFIL FOLICULAR E CONTAGEM DE FOLICULOS ANTRAIS (CFA) EM FÊMEAS DA ESPÉCIE EQUINA	116
EFEITO DA <i>ALOE VERA</i> NA MORFOLOGIA E NO DESENVOLVIMENTO FOLICULAR APÓS CULTIVO <i>IN VITRO</i> DE TECIDO OVARIANO VITRIFICADO DE BOVINOS	117
AVALIAÇÃO DO EFEITO DA <i>ALOE VERA</i> NA MANUTENÇÃO DA MATRIZ EXTRACELULAR APÓS CULTIVO <i>IN VITRO</i> DE TECIDO OVARIANO VITRIFICADO EM BOVINO	118



RESPOSTA SUPEROVULATÓRIA E PRODUÇÃO EMBRIONÁRIA DE OVELHAS DA RAÇA BERGAMÁCIA BRASILEIRA	119
ADAPTAÇÃO DE PROTOCOLO DE IATF COM NOVE DIAS PARA BOVINOS CURRALEIRO PÉ- DURO.....	120
EFEITO DA <i>CIMICIFUGA RACEMOSA L.</i> E DOXORRUBICINA SOB A ATIVAÇÃO DE FOLÍCULOS PRÉ-ANTRAIS DE CAMUNDONGAS CULTIVADOS <i>IN VITRO</i>	121
EFEITO DA MELATONINA E DO LUZINDOL NA VIABILIDADE DE FOLÍCULOS PRÉ-ANTRAIS BOVINOS APÓS O CULTIVO <i>IN VITRO</i>	122
DIAGNÓSTICO DE GESTAÇÃO PRECOCE EM OVINOS.....	123
CORPO LÚTEO OVINO: ANÁLISE DA REGRESSÃO LUTEAL.....	124
INFLUÊNCIA DA MELATONINA E DO LUZINDOLE NA FORMAÇÃO DE CAVIDADE ANTRAL EM FOLÍCULOS PRÉ-ANTRAIS BOVINOS CUTIVADOS <i>IN VITRO</i>	125
EFEITO DA <i>CIMICIFUGA RACEMOSA L.</i> , DEXAMETASONA E DOXORRUBICINA SOB A MATRIZ EXTRACELULAR DO TECIDO OVARIANO DE CAMUNDONGAS CULTIVADOS <i>IN VITRO</i>	126
CONTRIBUIÇÃO DE RETROTRANSPÓSONS SINEs EM TRANSCRITOS DE lncRNAs PRESENTES NO TECIDO ADIPOSEO DE SUÍNOS	127
<i>Recursos Genéticos Animais</i>	128
<i>5- Bioprospecção e Agregação de valor</i>	128
VALOR PARA O PÚBLICO ALVO, DA CARNE DE PORCOS MOURA EM SISTEMA TRADICIONAL DE PRODUÇÃO AO AR LIVRE	129
<i>Recursos Genéticos Animais</i>	130
<i>6- Programas de Conservação e Melhoramento</i>	130
ÍNDICES DE SELEÇÃO BIOECONÔMICOS PARA SISTEMAS DE PRODUÇÃO DE BOVINOS NELORE NO CERRADO BRASILEIRO	131
ANÁLISE PROTEÔMICA DETECTA PROTEÍNAS HUBs EM BOVINOS NELORE DIVERGENTES PARA ÁREA DE OLHO DE LOMBO	132
IDENTIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS HUBs ASSOCIADAS AO CONTEÚDO DE LIPÍDIOS EM BOVINOS NELORE	133
PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESOS E CORRELAÇÕES COM ESCORES DE TAMANHO E UMBIGO NA RAÇA ANGUS	134
FATORES DE TRANSCRIÇÃO <i>BARX2</i> E <i>STAT5A</i> PODEM ESTAR ASSOCIADOS À REGULAÇÃO DA DEPOSIÇÃO DE GORDURA INTRAMUSCULAR	135
PREDIÇÃO DO IMPACTO FUNCIONAL DE VARIANTES EM REGIÕES DE VARIAÇÕES NO NÚMERO DE CÓPIAS EM RAÇAS BRASILEIRAS LOCALMENTE ADAPTADAS	136



VARIABILIDADE GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE CAVALOS RAÇA SILLA ARGENTINO DA POLÍCIA NACIONAL DA COLÔMBIA UTILIZANDO A INFORMAÇÃO DO PEDIGREE	137
ASSOCIAÇÃO ENTRE LONGEVIDADE E PRODUÇÃO DE LEITE USANDO INFORMAÇÕES GENÔMICAS EM BUBALINOS	138
DIVERSIDADE GENÉTICA E ASSINATURAS DE SELEÇÃO PARA ESTRESSE TÉRMICO EM BOVINOS E DUAS ESPÉCIES BOS ADAPTADAS A CONDIÇÕES CLIMÁTICAS DIVERGENTES.....	139
ISOLAMENTO, EXPANSÃO E CARACTERIZAÇÃO DE TRÊS TIPOS DE CÉLULAS-TRONCO MULTIPOTENTES DE CERVO-DO-PANTANAL (<i>BLASTOCERUS DICHOTOMUS</i>).....	140
ETAPAS INICIAIS PARA A PRODUÇÃO IN VITRO DE GAMETAS A PARTIR DE LINHAGENS CELULARES MULTIPOTENTES DE CERVO-DO-PANTANAL	141
MODELOS DE NORMAS DE REAÇÃO PARA PESO AO SOBREANO EM BOVINOS NELORE.....	142
ESTUDO DE CURVAS DE LACTAÇÃO EM BOVINOS MESTIÇOS GIR-HOLANDÊS	143
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO DA LEITEGADA AO NASCIMENTO, PESO DA LEITEGADA AO DESMAME E INTERVALO DESMAME-CONCEPÇÃO EM SUÍNOS LANDRACE.....	144
DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA ESTUDO POPULACIONAL DE OSTRAS NATIVAS DA COSTA SUDESTE-SUL DO BRASIL.....	145
MODELOS DE NORMAS DE REAÇÃO PARA PERÍMETRO ESCROTAL EM BOVINOS NELORE ..	146
ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS DE PESO CORPORAL E DE CARCAÇA EM BOVINOS BRAHMAN	147
ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE A HABILIDADE DE PERMANÊNCIA NO REBANHO E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM ANIMAIS DA RAÇA BRAHMAN	148
ACURÁCIA DE IMPUTAÇÃO PARA DADOS DE SEQUENCIAMENTO DE ÚLTIMA GERAÇÃO EM RAÇAS ZEBUÍNAS.....	149
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE SOBRE O PERÍMETRO ESCROTAL AJUSTADO EM BOVINOS NELORE.....	150
INCLUSÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA NA ESTIMAÇÃO DA ACURÁCIA DE VALORES GENÉTICOS DE TOUROS NELORE.....	151
ESTUDO DE ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM BOVINOS CANCHIM POR HOMOZIGOSE DO HAPLÓTIPO ESTENDIDO ENTRE POPULAÇÕES.....	152
ASSINATURAS DE SELEÇÃO IDENTIFICADAS EM GENES ASSOCIADOS AO ESTRESSE EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM	153
BLOCOS DE HAPLÓTIPOS SOBREPOSTOS ENTRE ANIMAIS CANCHIM E SUAS RAÇAS FUNDADORAS	154
DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE PORCOS MOURA	155
RELAÇÃO ENTRE SELEÇÃO PARA PESO AO SOBREANO E TAMANHO ADULTO EM FÊMEAS NELORE	156



CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE INDICADORES ZOOTÉCNICOS E CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS	157
CRUZAMENTO RECÍPROCO ENTRE VARIEDADES DE OVINOS MORADA NOVA: DESEMPENHO DOS CORDEIROS ATÉ A DESMAMA	158
EFEITO MATERNO SOBRE O DESEMPENHO PRODUTIVO DE OVELHAS MORADA NOVA VARIEDADES VERMELHA E BRANCA	159
CURVA DE CRESCIMENTO EM CRUZAMENTOS RECÍPROCOS DAS RAÇAS OVINAS MORADA NOVA, RABO LARGO E SANTA INÊS	160
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS SANTA INÊS	161
DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA VARIEDADE BRANCA	162
RELAÇÃO ENTRE ENDOGAMIA E VALORES GENÉTICOS PARA DISPLASIA COXOFEMORAL EM CANINOS DO CLUBE PAULISTA DO LABRADOR	163
ANÁLISES MULTIVARIADA APLICADA A CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE OVINOS MORADA NOVA VARIEDADE BRANCA	164
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA FACILIDADE DE ORDENHA, TEMPERAMENTO E PRODUÇÃO DE LEITE EM BOVINOS GIR LEITEIRO	165
REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS AO TEMPERAMENTO DE BOVINOS DA RAÇA GIR	166
IDENTIFICAÇÃO GENÉTICA DE HÍBRIDOS DE PINADO REAL EM PISCICULTURA BRASILEIRA	167
DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MOLECULARES DO TIPO MICROSSATÉLITES (SSRs) A PARTIR DO GENOMA DE <i>Bos taurus</i>	168
PROGRAMA DE CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE PEIXES NATIVOS DE INTERESSE ECONÔMICO DA EMBRAPA	169
DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES ESPECÍFICOS PARA IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS COM A PRODUÇÃO EM BUBALINOS	170
ESTIMATIVA DE OPORTUNIDADES DE SELEÇÃO PARA RESISTÊNCIA A VERMINOSES EM OVINOS	171
SELEÇÃO CONJUNTA PARA PRODUÇÃO DE LEITE E TERMOTOLERÂNCIA EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA	172
INCLUSÃO DE INDICADORES DE ESTRESSE TÉRMICO NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS GIROLANDO	173
DIVERSIDADE GENÉTICA E ANÁLISE DE PARENTESCO EM UMA ESPÉCIE COM RISCO DE EXTINÇÃO NO RIO IGUAÇU	174



ACERVO DE ABELHAS DA COLEÇÃO ENTOMOLÓGICA DA EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL	175
DIVERSIDADE GENÉTICA DE GALINHAS COMERCIAIS E NATIVAS GENOTIPADAS COM CHIP DE ALTA DENSIDADE.....	176
<i>Recursos Genéticos Microbianos</i>	177
1- Coleta.....	177
THE COLLECTION OF MICROORGANISMS OF THE NATIONAL CENTER FOR GENETIC RESOURCES (CM-CNRG)	178
<i>Recursos Genéticos Microbianos</i>	179
2- Caracterização.....	179
CARACTERIZAÇÃO DE FUNGOS ANTÁRTICOS DE ORIGEM MARINHA QUANTO À TEMPERATURA DE CRESCIMENTO	180
COMPARAÇÃO BIOLÓGICA DO MUTANTE X. citri amy::pPM2a-zapA COM <i>Xanthomonas citri</i> ssp. <i>citri</i> ISOLADO DO CAMPO.....	181
IDENTIFICAÇÃO DE MICRORGANISMOS MANTIDOS EM COLEÇÃO BIOLÓGICA POR MALDI-TOF MS	182
IDENTIFICAÇÃO DE ISOLADOS DE <i>Fusarium</i> DE FEIJOEIRO POR CARACTERIZAÇÃO MORFOCULTURAL, MOLECULAR E PATOGENICA	183
VIABILIDADE E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ISOLADOS DE <i>Bacillus thuringiensis</i>	184
LEVANTAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE VÍRUS EM CULTIVOS COMERCIAIS DE MORANGUEIRO (<i>Fragaria</i> spp.) NA REGIÃO ADMINISTRATIVA BRAZLÂNDIA (DF).....	185
SURVIVAL AND ULTRA-FREEZING TOLERANCE DURING PRESERVATION OF AUTOCHTHONOUS ACID-LACTIC BACTERIA ISOLATED FROM A MEXICAN ARTISANAL CHEESE	186
O GENE <i>phoP</i> (XAC4023) DE <i>Xanthomonas citri</i> subsp. <i>citri</i> IMPACTA A MORFOLOGIA CELULAR, FORMAÇÃO DE BIOFILME, MOTILIDADE E VIRULÊNCIA	187
INVESTIGAÇÃO DO ENVOLVIMENTO DO GENE <i>phoP</i> (XAC4023) NOS PROCESSOS DE DIVISÃO CELULAR E SEGREGAÇÃO CROMOSSÔMICA DE <i>Xanthomonas citri</i> subsp. <i>citri</i>	188
BACTÉRIA RESISTENTE À METAIS PESADOS E À ANTIBIÓTICO ISOLADA DO SOLO ESTUARIDO CONTAMINADO COM REJEITO ORIUNDO DA BARRAGEM DE FUNDÃO	189
MONTAGEM DO GENOMA DE ISOLADOS BRASILEIROS DE <i>Magnaporthe oryzae</i> CAUSANDO BRUSONE DE ARROZ E POLIMORFISMOS DOS GENES DE AVIRULÊNCIA	190
AVALIAÇÃO DA VIABILIDADE E PATOGENICIDADE	191
<i>Recursos Genéticos Microbianos</i>	192
3- Preservação	192
CURADORIA DO ACERVO DE FUNGOS DE ORIGEM MARINHA DA ANTÁRTICA.....	193



COLEÇÕES DE CULTURA DO CENTRO DE RECURSOS BIOLÓGICOS JOHANNA DOBEREINER (CRB-JD).....	194
ESTUDO TAXONÔMICO DE CEPAS DE <i>ASPERGILLUS</i> spp. PRESERVADAS EM COLEÇÃO BIOLÓGICA POR LONGOS PERÍODOS	195
<i>Recursos Genéticos Microbianos</i>	196
4- Documentação.....	196
CURADORIA DO ACERVO DE FUNGOS ANTÁRTICOS DOS GÊNEROS <i>Geomyces</i> e <i>Pseudogymnoascus</i> DA CENTRAL DE RECURSOS MICROBIANOS DA UNESP	197
PULSOS DE INUNDAÇÃO EM PLANÍCIES ALUVIAIS AMAZÔNICAS COM ÁGUAS NEGRA, BRANCA E CLARA MOLDAM OS PADRÕES METABÓLICOS DA MICROBIOTA DO SOLO.....	198
COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DE INTERESSE PARA A AGROINDÚSTRIA TROPICAL: IMPLEMENTAÇÃO DE REQUISITOS CORPORATIVOS DE QUALIDADE	199
DIVERSIDADE DA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DE INTERESSE PARA A SUINOCULTURA E AVICULTURA (CMISEA) DA EMBRAPA SUÍNOS E AVES	200
HISTÓRIA DA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS	201
<i>Recursos Genéticos Microbianos</i>	202
5- Prospecção e aplicação biotecnológica.....	202
DESCOLORAÇÃO E DESTOXIFICAÇÃO DE CORANTE TÊXTIL POR FUNGOS ANTÁRTICOS DE ORIGEM MARINHA.....	203
CONSÓRCIO MICROBIANO ISOLADO DE CORANTE NATURAL DE <i>Bixa orellana</i> L. PARA BIODEGRADAÇÃO DE CORANTE TÊXTIL SINTÉTICO	204
BIODEGRADAÇÃO E TOXICIDADE DE RESÍDUO AERONÁUTICO COM MICROBIOTA SELECIONADA.....	205
INFORMATIZAÇÃO DO ACERVO DE FUNGOS DE ORIGEM MARINHA E ANTÁRTICA DA CRM-UNESP	206
ADSORÇÃO DE CORANTE TÊXTIL POR FUNGOS BASIDIOMICETOS DE ORIGEM ANTÁRTICA	207
DESCOLORAÇÃO E DESTOXIFICAÇÃO DO CORANTE TÊXTIL AZUL INDIGO SULFUROSO PELO FUNGO <i>Marasmiellus</i> sp. CBMAI 1062	208
BASIDIOMICETOS DE SOLO DO RECUO DA GELEIRA COLLINS (ANTÁRTICA): CLASSIFICAÇÃO QUANTO A TEMPERATURA DE CRESCIMENTO E PRODUÇÃO DE ENZIMAS LIGNINOLÍTICAS	209
POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO E AGRÍCOLA DE RIZOBACTÉRIAS ISOLADAS DO CERRADO PARA PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL, ATIVIDADE ENZIMÁTICA E ANTIBIOSE	210
NODULAÇÃO E FIXAÇÃO DE NITROGÊNIO EM <i>Aeschynomene rudis</i>	211



ANÁLISE METATRANSSCRIPTÔMICA REVELA NOVOS GENES DE DEGRADAÇÃO E DESTOXIFICAÇÃO DE RBBR EXPRESSOS POR CONSÓRCIO MICROBIANO	212
BIORREMEDIAÇÃO DE SOLOS CONTAMINADOS COM ÓLEO DIESEL: ANÁLISE ESTRUTURAL DA COMUNIDADE MICROBIANA.....	213
DIVERSIDADE E POPULAÇÃO MICROBIANA EM BIOFERTILIZANTE AERÓBICO FORMULADO COM FARINHA DE PEIXE	214
IDENTIFICAÇÃO DA BACTÉRIAS MARINHAS COM POTENCIAL BIORREMEDIADOR	215
EFEITO DA INOCULAÇÃO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DE	216
MICROBIAL GENETIC RESOURCES LABORATORY: AN INSTRUMENT FOR FOOD SECURITY IN MEXICO	217
ISOLAMENTO DE BACTÉRIA DO GÊNERO <i>Bacillus</i> DE REJEITO DE MINERAÇÃO E SEU POTENCIAL PARA BIORREMEDIAÇÃO	218
<i>Streptomyces</i> sp. UMA FÁBRICA DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS	219
POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E RIZOSFÉRICAS DE <i>Paspalum atratum</i> NA SOLUBILIZAÇÃO DE FOSFATO	220
<i>BACILLUS</i> SP. BS34B FROM <i>SABAL YAPA</i> (WRIGHT EX BECC.) SEEDS, A PONTENCIAL BIOCONTROL BACTERIA AGAINST <i>FUSARIUM</i> SPP. CAUSING ROTS IN MAIZE (<i>ZEA MAYS</i> L.)	221
AVALIAÇÃO DE DUAS LINHAGENS DE <i>Komagataella phaffii</i> NA EXPRESSÃO HETERÓLOGA DE UMA NOVA LACASE DE ORIGEM MARINHA	222
Caracterização funcional de genes do cluster biossintético de cosmomicina D em <i>Streptomyces olindensis</i> DAUFPE 5622	223
ANÁLISE DA BIOSÍNTESE DE MOLÉCULAS ANTITUMORAIS POR <i>Streptomyces</i> sp. COM BASE EM MINERAÇÃO GENÔMICA.....	224
SELEÇÃO DE ISOLADOS BACTERIANOS PROMOTORES DO CRESCIMENTO VEGETAL PROMISSORES PARA A ACELERAÇÃO DA RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS DE CAATINGA	225
ISOLAMENTO DE ACTINOBACTÉRIAS DE AMBIENTES EXTREMOS E EXPLORAÇÃO DE SUA ATIVIDADE ANTIMICROBIANA USANDO TECNOLOGIAS -ÔMICAS.	226
COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS MULTIFUNCIONAIS DE CLIMA TEMPERADO: APLICAÇÃO PARA BIOECONOMIA.....	227
BACTÉRIAS ISOLADAS DE BIOFERTILIZANTE FORMULADO COM FARINHA DE PEIXE INIBEM O CRESCIMENTO MICELIAL DE <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i>	228
<i>Recursos Genéticos Microbianos</i>	229
6- <i>Microbioma associado</i>	229



EFEITO DE BACTÉRIAS PROVENIENTES DO MICROBIOMA FUNCIONAL DE <i>Ananas ssp.</i> NO CRESCIMENTO RADICULAR DA VARIEDADE PÉROLA	230
ÁRVORES FIXADORAS DE N ₂ REGULAM AS INTERAÇÕES FÚNGICAS E A CICLAGEM DE FÓSFORO EM FLORESTAS MISTAS	231
MUDANÇAS NA COMUNIDADE DE ARQUEIAS PROMOVIDAS POR ATRIBUTOS DO SOLO E SERAPILHEIRA EM PLANTAÇÕES PURAS E MISTAS DE EUCALIPTO E ACÁCIA	232
JARDIM DE FUNGO DE FORMIGAS CORTADEIRAS: O POTENCIAL DE UM CONSÓRCIO MICROBIANO.....	233
ATIVIDADE ANTIFÚNGICA DE ISOLADOS BACTERIANOS DO NINHO DE ESPUMA DO ANURO <i>ADENOMERA HYLAEDACTYLA</i>	234
RESPOSTA DOS ORGANISMOS FIXADORES DE NITOGÊNIO E SOLUBILIZADORES DE FÓSFORO FRENTE A COBERTURA DO SOLO	235
PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO E CONTROLE DE COCHONILHA (<i>Dyamicoccus brevipes</i>) EM PLANTAS DE ABACAXI cv. BRS IMPERIAL PELO USO DE BACTERIAS BENÉFICAS DO GÊNERO <i>Ananas</i>	236
AVALIAÇÃO DO IMPACTO DA DEGRADAÇÃO DE SOLOS NAS COMUNIDADES BACTERIANAS EM ÁREAS SUSCETÍVEIS À DESERTIFICAÇÃO POR PCR/DGGE	237
ISOLAMENTO DE BACTÉRIAS LÁTICAS PROVENIENTES DE DIFERENTES ACESSOS DE ABACAXI	238
CARACTERIZAÇÃO DA MICROBIOTA DE <i>Myotis chiloensis</i> COM BASE NA METAGENÔMICA 16S DE AMOSTRAS FECAIS	239
INFLUÊNCIA DA DIVERSIDADE MICROBIOLÓGICA DE SOLOS DO MARANHÃO SOBRE LEGUMINOSAS	240
FORMIGAS DE FOGO COMO HOTSPOT DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO. ...	241
PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO DE PLANTAS DE ABACAXI cv. 'BRS IMPERIAL' POR MEIO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS	242
<i>Recursos Genéticos Vegetais</i>	243
1 - Coleta e Intercâmbio	243
DIVERSIDADE DE BROMELIACEAE NA COMUNIDADE DO JOTOBÁ, MILAGRES, BAHIA, BRASIL	244
NECESSIDADE DE COLETAS DE <i>Cucurbita spp.</i> EM MUNICÍPIOS DO NORDESTE BRASILEIRO	245
<i>Recursos Genéticos Vegetais</i>	246
2 - Etnobotânica.....	246
GERMINAÇÃO DE AQUÊNIOS DE MORANGO DA CULTIVAR 'MOJAVE'	247



A TRADIÇÃO QUE PERMEIA O USO DE <i>Butia odorata</i> EM PELOTAS E CAPÃO DO LEÃO (RS)	248
LEVANTAMENTO ETNOBOTÂNICO DA UTILIZAÇÃO SOCIOECONÔMICA DA CARNAÚBA EM REGIÕES DO NORDESTE BRASILEIRO	249
PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS NA REGIÃO DO MÉDIO SÃO FRANCISCO ...	250
ETNOBOTÂNICA DE GOIABEIRAS NA REGIÃO MEIO NORTE DO BRASIL	251
<i>Recursos Genéticos Vegetais</i>	252
3 - Caracterização e Avaliação	252
CARACTERIZAÇÃO DE ELEMENTOS GENÔMICOS REPETITIVOS, GENES E ROTAS METABÓLICAS EM ESPÉCIES ARBÓREAS DA MATA ATLÂNTICA VIA <i>NEXT GENERATION SEQUENCING</i>	253
PLANTAS EXIBINDO ALELOPATIA A CORDA-DE-VIOLA (<i>Ipomoea purpurea</i> L.)	254
PLANTAS COM PROPRIEDADE ANTIFÚNGICA.....	255
AValiação BIOMÉTRICA DE FRUTOS DE MACAÚBA: IMPLICAÇÕES PARA ESTUDOS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA	256
AValiação DA SUSCETIBILIDADE DE <i>Mycosphaerella fragariae</i> e <i>Sphaerotheca maculata</i> f. <i>sp. fragariae</i> EM NOVAS CULTIVARES DE MORANGUEIRO.....	257
AValiação DO POTENCIAL DE ENRAIZAMENTO DE ESTACAS LENHOSAS DE DEZESSETE PORTAENXERTOS DE VIDEIRA	258
POLIMORFISMO CARIOTÍPICO DE HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA EM ACESSOS DE PIMENTAS DO GÊNERO <i>Capsicum</i> L.	259
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE DIFERENTES ESPÉCIES DE PIMENTAS <i>Capsicum</i> L. PELO AGRUPAMENTO DE TOCHER SEQUENCIAL.....	260
ACLIATIZAÇÃO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DO ABACAXIZEIRO ORNAMENTAL	261
GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE PASSIFLORACEA DO LITORAL DO PIAUÍ	262
GERMINAÇÃO E CRESCIMENTO DE PLÂNTULAS DE ERVA BALEEIRA	263
CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE ANÃO NA REGIÃO SUL DO RIO GRANDE DO SUL.....	264
CULTIVARES DE GLADIÓLO- <i>Gladiolus X grandiflorus</i> Hort. (Iridaceae) APRESENTAM DIFERENÇAS PALINOLÓGICAS?	265
TRANSFERIBILIDADE DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DE <i>Eugenia uniflora</i> L. PARA OUTRAS ESPÉCIES DA FAMÍLIA MYRTACEAE	266
DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE BANANEIRA DA EPAGRI EM RELAÇÃO A ACESSOS DO INTERNATIONAL TRANSIT CENTRE (ITC)	267
VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CITROS UTILIZANDO DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS	268



DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE <i>Passiflora cincinnata</i> Mast (PASSIFLORACEAE) COM BASE EM MARCADORES ISSR	269
DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATIVAS DE <i>Croton tetradenius</i> Baill., USANDO MARCADORES SNP	270
INFLUÊNCIA DE MÉTODOS DE EXTRAÇÃO NO TEOR E COMPOSIÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE ACESSOS DE <i>Lippia alba</i> (MILL) N. E. BROWN.	271
CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE ACESSOS DE ALECRIM-DE-VAQUEIRO.....	272
CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DA TOLERÂNCIA A DESSECAÇÃO EM SEMENTES DE <i>Campomanesia retziana</i> (D.Legrand)	273
ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE <i>Eugenia uniflora</i> L. DE DIFERENTES REGIÕES DO RIO GRANDE DO SUL	274
A COLEÇÃO DE MORINGA DA EMBRAPA TABULEIROS COSTEIROS: SITUAÇÃO ATUAL E PERSPECTIVAS	275
PRIMEIRA FRUTIFICAÇÃO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE JENIPAPO E A COMERCIALIZAÇÃO DA FRUTA EM ARACAJU	276
PRODUÇÃO DE ACESSOS DE PALMA FORRAGEIRA EM CULTIVO DE SEQUEIRO	277
PRODUÇÃO DE ACESSOS DE PALMA FORRAGEIRA EM CULTIVO IRRIGADO	278
DESCRIÇÃO DOS CARACTERES MORFOLÓGICOS VEGETATIVOS DE ACESSOS DE <i>Tropaeolum pentaphyllum</i> Lam.....	279
DESCRIÇÃO DOS CARACTERES MORFOLÓGICOS REPRODUTIVOS DE <i>Tropaeolum pentaphyllum</i> Lam.....	280
FENOLOGIA REPRODUTIVA E BIOLOGIA FLORAL DE <i>Rubus erythrocladus</i> Mart. ex Hook.f. (ROSACEAE) NA REGIÃO DO ALTO URUGUAI (RS)	281
GERMINAÇÃO DE <i>Tropaeolum pentaphyllum</i> Lam. (TROPAEOLACEAE) NA REGIÃO DO ALTO URUGUAI (RS).....	282
VARIABILIDADE MORFOAGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO	283
BIOMETRIA DE FRUTOS E SEMENTES DE <i>ACCA SELLOWIANA</i> (O. BERG) BURRET	284
DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DE FRUTOS DE MACAÚBA (<i>Acrocomia aculeata</i>)	285
POTENCIAL DE ENRAIZAMENTO DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PORTA-ENXERTOS DE VIDEIRA	286
DESEMPENHO AGRONÔMICO DE QUATRO GENÓTIPOS DE VIDEIRA RESISTENTES A DOENÇAS FÚNGICAS NO SUL DO BRASIL.	287
ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO ENTRE AS VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS DOS FRUTOS DE MACAÚBA	288
FENOLOGIA E CRESCIMENTO DE GIRASSOL EM DIFERENTES ÉPOCAS DE SEMEADURA E ARRANJOS ESPACIAIS EM PLANTIO DIRETO	289



VARIABILIDADE EM GENÓTIPOS DE AMENDOIM PRODUZIDOS POR PEQUENOS AGRICULTORES DO RECÔNCAVO BAIANO	290
QUEBRA DE DORMÊNCIA EM TÚBERAS DE INHAME	291
ASPECTOS ANATÔMICOS DA TUBERIZAÇÃO DE ESTACAS CAULINARES DE INHAME	292
PRODUTIVIDADE DE MATÉRIA SECA DE FORRAGEM E MASSA SECA DE FOLHAS DE GENÓTIPOS DE <i>CYNODON</i> E <i>DIGITARIA</i> IMPLANTADOS NA REGIÃO SUL DO BRASIL	293
ANÁLISE QUÍMICA EM PÓLEN APÍCOLA MONOFLORAL DE DENDEZEIRO (<i>Elaeis guineensis</i> JACQ., ARECACEAE)	294
OTIMIZAÇÃO DE CONDIÇÕES DE CULTIVO <i>IN VITRO</i> NA INTRODUÇÃO DE GENÓTIPOS EM UM BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI	295
RESISTÊNCIA DE VARIEDADES CRIOLAS DE FEIJÃO-FAVA AO FUNGO <i>Colletotrichum truncatum</i>	296
EFEITO DA AMBIÊNCIA, RECIPIENTES E SUBSTRATOS NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS DE AÇAÍ, EM PARAGOMINAS-PA	297
QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE SOJA (<i>Glycine max</i> L. Merrill) TRATADAS COM MICRONUTRIENTES	298
FENOLOGIA DE GUABIROBEIRAS EM FLORESTA OMBRÓFILA MISTA	299
CRESCIMENTO DE MUDAS DE GUABIROBEIRA SOB GRADIENTE DE SOMBREAMENTO	300
TUBERIZAÇÃO DE ESTACAS CAULINARES DE INHAME	301
USO DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS NA CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE	302
DETERMINAÇÃO DE COMPOSTOS FENÓLICOS TOTAIS EM PLANTAS DE ALGODÃO SUBMETIDAS AO ATAQUE DE <i>Spodoptera cosmioides</i> W.	303
NÚMERO DE REPETIÇÕES EM ENSAIOS COM GENÓTIPOS DE MELÃO DO GRUPO CANTALUPENSIS	304
CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA ENTRE ACESSOS DE <i>Macroptilium lathyroides</i> (L.) Urb. COLETADOS NA REGIÃO DO SUBMÉDIO DO VALE DO RIO SÃO FRANCISCO	305
ESTATÍSTICAS DE PRECISÃO PARA AVALIAÇÃO DE PRODUTIVIDADE EM ENSAIOS COM GENÓTIPOS DE MELÃO	306
MORFOANATOMIA FOLIAR DE <i>Tillandsia</i> L. (Bromeliaceae) OCORRENTES NA BAHIA, BRASIL	307
GERMINACIÓN Y CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS DE SEMILLA BOTÁNICA DE PAPAS SILVESTRES (<i>Solanum</i> spp.)	308
EXPRESSÃO GÊNICA DE PROTEÍNAS LEA E sHSP EM SEMENTES DE <i>Erythrina velutina</i> SOB CONDICIONAMENTO OSMÓTICO	310



APLICAÇÃO DE MARCADORES SSRs NA DETECÇÃO DE SINONÍMIAS E ERROS DE IDENTIFICAÇÃO NO GERMOPLASMA DE VIDEIRA DO INSTITUTO AGRONÔMICO	311
CONFIRMAÇÃO DE PLOIDIA DE GENÓTIPOS DE <i>Erythrina velutina</i> WILLD.	312
RESPOSTAS DE CULTIVARES DE FEIJÃO-CAUPI SOB DIFERENTES FONTES DE NITROGÊNIO ..	313
RENDIMENTO E QUALIDADE DE RAIZ EM CULTIVARES DE MANDIOCA (<i>Manihot esculenta</i> Crantz.)	314
AMPLIFICAÇÃO E EFICIÊNCIA DOS PRIMERS 18S E ACT EM SEMENTES DE <i>Hancornia speciosa</i> GOMES	315
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE <i>Macroptilium lathyroides</i> (L.) Urb. COLETADOS NA REGIÃO DO SUBMÉDIO DO VALE DO RIO SÃO FRANCISCO	316
ANÁLISE IN SILICO DA EXPRESSÃO DO GENE RPP5 PARA RESISTÊNCIA A VESPA-DA-GALHA EM EUCALIPTO	317
CLASSIFICAÇÃO DE PORTA-ENXERTOS DE VIDEIRA TOLERANTES À SECA USANDO APRENDIZAGEM DE MÁQUINAS.....	318
APLICAÇÃO DO TESTE DE MICRONÚCLEO COM <i>ALLIUM CEPA</i> PARA AVALIAÇÃO GENOTÓXICA E MUTAGÊNICA EM AMOSTRAS DE ÁGUA DO RIO VERRUGA	319
POTENCIAL DE USO DE GERMOPLASMA DE MARACUJAZEIROS SILVESTRES COMO PORTA-ENXERTOS PARA ESPÉCIES COMERCIAIS	320
AVALIAÇÃO DA REAÇÃO DE SUBACESSOS DE MELÃO AO VÍRUS DO AMARELÃO	321
AVALIAÇÃO DA BROTAÇÃO DE ACESSOS DE ARARUTA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFMT NO NORTE DO MATO GROSSO	322
IDENTIFICAÇÃO DO PONTO DE COLHEITA DE ACESSOS DE MELÕES DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO NORDESTE BRASILEIRO	323
PARÂMETROS GENÉTICOS EM FEIJÃO-CAUPI INOCULADAS COM MICRORGANISMOS E BACTÉRIAS EM CAMPO	324
COMPOSTOS BIOATIVOS DE BELDROEGÃO (<i>Talinum paniculatum</i> L.) SUBMETIDA A DIFERENTES MÉTODOS E TEMPOS DE COCÇÃO	325
INFLUÊNCIA DO MÉTODO DE COCÇÃO EM COMPOSTOS FENÓLICOS E ATIVIDADE ANTIOXIDANTE DE PICÃO-PRETO (<i>Bidens pilosa</i> L.)	326
TOLERANCIA DAS SEMENTES DE BARBATIMÃO (<i>STRYPHNODENDRON CORIACEUM</i> BETH.) À DESIDRATAÇÃO E CONGELAMENTO PARA CONSERVAÇÃO EX SITU EM LONGO PRAZO	327
PARÂMETROS GENÉTICOS E VALORES GENOTÍPICOS EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA QUANTO AO RENDIMENTO DE PALMITO	328
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA.....	329



DIVERGÊNCIA FENOTÍPICA ENTRE ACESSOS DE UVAS FINAS ITALIANAS DO GERMOPLASMA DO INSTITUTO AGRONÔMICO.....	330
ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM GERMOPLASMA DE FEIJÃO-FAVA DE DISTINTAS ORIGENS.....	331
APLICAÇÃO DE ESTUDOS METABOLÔMICOS NO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ANANAS.....	332
ANÁLISE DA IMPORTÂNCIA DA UTILIZAÇÃO E PRESERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS.....	333
DIMENSÕES DOS FOLÍOLOS DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO	334
CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE ACESSOS DE UVAS PARA VINHO DO GERMOPLASMA DE <i>Vitis</i> spp. DO INSTITUTO AGRONÔMICO.....	335
CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DE ACESSOS DE AMEIXA JAPONESA PERTENCENTES AO BAG-AMEIXA DO IDR-PARANÁ	336
CICLO FENOLÓGICO DE ACESSOS DE AMEIXEIRA JAPONESA PERTENCENTES AO BAG-AMEIXA DO IDR-PARANÁ	337
AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE AMIDO DE ARARUTA ORIUNDO DE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFMT NO NORTE DO MATO GROSSO	338
AVALIAÇÃO DA PRODUTIVIDADE EM FUNÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE ACESSOS DE ARARUTA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFMT NO NORTE DO MATO GROSSO	339
CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E DE PRODUTIVIDADE DA PALMEIRA <i>Acrocomia totai</i> Mart. – UMA ALTERNATIVA DE EXTRATIVISMO E CULTIVO SUSTENTÁVEL	340
ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS PARA CARACTERES AGRONÔMICOS DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO COMERCIAL CARIOCA	341
DIVERSIDADE GENÉTICA DE <i>GOSSIPYUM BARBADENSE</i> COLETADOS EM AQUIDAUANA, MATO GROSSO DO SUL	342
DIVERSIDAD DE MAÍZ (<i>Zea mays</i> L.) raza Canguil en la provincia de Imbabura-Ecuador	343
ABORDAGEM MULTIVARIADA NA AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-FAVA	345
ESTUDOS ECOGEOGRÁFICOS DE ALECRIM-DE-VAQUEIRO (LAMIACEAE): UMA ESPÉCIE MEDICINAL DO SEMIÁRIDO.....	346
O AMBIENTE AFETA A VARIAÇÃO MORFOLÓGICA DAS ESPÉCIES? O CASO DO GÊNERO <i>Hohenbergia</i> SCHULT. & SCHULT.F (BROMELIACEAE)	347
DINÂMICA E COMPOSIÇÃO DE NÉCTAR EM <i>Hohenbergia</i> Schult. & Schult.f. (Bromeliaceae) DA BAHIA, BRASIL.....	348



DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE <i>Melocactus conoideus</i> Buin. & Bred, ESPÉCIE CRITICAMENTE AMEAÇADA DE EXTINÇÃO	349
NÚMERO DE CROMOSSOMOS E ESTABILIDADE MEIÓTICA EM <i>Cattleya x fidelensis</i> (PABST; VAN DEN BERG) (ORCHIDACEAE:EPIDENDROIDEAE).....	350
IDENTIFICAÇÃO DE CULTIVARES DE SORGO GRANÍFERO ADAPTADOS A REGIÃO DE IMPERATRIZ, MA	351
ESTUDO ECOGEOGRÁFICO DE ACESSOS DE <i>Lippia insignis</i>	352
AVALIAÇÃO PRELIMINAR DE ACESSOS DE AÇAIZEIRO HÍBRIDOS PARA CARACTERES DE CACHO EM BELÉM- PA	353
CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE AÇAIZEIROS HÍBRIDOS...	354
AVALIAÇÃO DE MATÉRIA SECA E PRODUTIVIDADE DE PARTE AÉREA DE CULTIVARES DE MANDIOCA DE MESA SOB ADUBAÇÃO FOSFATADA	355
AVALIAÇÃO DO NÚMERO DE SEMENTES EM ACESSOS DE JERIMUM CABOCLO	356
PREDACÃO, GERMINAÇÃO E TOLERÂNCIA À DESIDRATAÇÃO, RESFRIAMENTO OU CONGELAMENTO DE SEMENTES DE TACHIGALI SUBVELUTINA (BENTH.) OLIVEIRA-FILHO ..	357
OBTENÇÃO DE PROGÊNIES DE <i>Cucumis melo</i> L.	358
REAÇÃO A DOENÇAS DE VARIEDADES CRIOULAS E CULTIVARES DE FEIJÃO	359
CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS E CULTIVARES DE FEIJÃO ...	360
RESPOSTAS DA INTERAÇÃO <i>Spondias purpurea</i> L. vs. <i>Meloidogyne</i> spp.	361
RESPOSTAS AO PARASITISMO DOS NEMATÓIDES DAS GALHAS EM UMBUGUELEIRA	362
TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM ACESSOS DE <i>Cattleya walkeriana</i> Gardner	363
TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM <i>Passiflora foetida</i> L.	364
TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM <i>Passiflora gibertii</i> N.E. Brown.	365
FENOTIPAGEM EM SEMENTES DE FEIJÃO-FAVA VISANDO PADRÃO COMERCIAL	366
NÚMERO DE GRÃOS DE PÓLEN EM ANTERAS DE GENÓTIPOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE PEREIRA.....	367
CARACTERIZAÇÃO FOLIAR DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO FAVA	368
ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJÃO-FAVA POR MEIO DE COMPONENTES DE PRODUÇÃO.....	369
VARIAÇÃO DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM BUTIAZEIROS (<i>Butia odorata</i>).....	370
DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE FEIJÃO-FAVA POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS	371
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE <i>STYLOSANTHES</i> CULTIVADO EM DOIS AMBIENTES	372
CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM PIMENTAS	373



CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS DE TRÊS ACESSOS DE CAMBUÍ.....	374
AValiação DE BACABEIRAS DE LEQUE DO MUNICIPIO DE MARABÁ-PA.....	375
CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE POPULAÇÕES DE MILHO PARA ENSAIO DE VALOR DE CULTIVO E USO.....	377
ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO EM POPULAÇÕES DE MILHO DE POLINIZAÇÃO ABERTA CONDUZIDOS NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO	378
GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE FRUTAS NATIVAS DA FLORESTA ATLÂNTICA EM DIFERENTES SUBSTRATOS	379
REAÇÃO DE SUBACESSOS DE MELOEIRO DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO MARANHÃO AOS DANOS DA <i>Diaphania hyalinata</i>	380
ANÁLISE CONJUNTA DOS CARACTERES AGRONÔMICOS DE DOIS EXPERIMENTOS DE GENÓTIPOS DE SOJA CONDUZIDOS NA REGIÃO DA NOVA ALTA PAULISTA	381
CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE.....	382
RENDIMENTO DE PEPINEIRO CULTIVADO EM SOLUÇÃO NUTRITIVA SALINA ENRIQUECIDA COM POTÁSSIO.	383
AValiação DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TOMATE UTILIZANDO CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS	384
DETERMINAÇÃO DA TAXA FOTOSSINTÉTICA LÍQUIDA EM ACESSOS DE PINHEIRA (<i>Annona squamosa</i> L.) SUBMETIDOS AO ESTRESSE HÍDRICO.....	385
DETERMINAÇÃO DE VITAMINA C EM FRUTOS DE BIRIBAZEIRO (<i>Annona mucosa</i> Jacq.).....	386
AValiação DE BACABEIRAS DE LEQUE NO MUNICIPIO DE SÃO JOÃO DO ARAGUAIA- PA..	387
AValiação e seleção de densidade de semeadura em variedades crioulas de feijão-fava	388
PRODUÇÃO DE FEIJÃO-CAUPI COM BACTÉRIAS E MICRORGANISMOS EM CULTIVO PROTEGIDO	389
PRODUTIVIDADE E SEUS COMPONENTES EM CULTIVARES DE FEIJÃO	390
AValiação DE CACHOS EM ACESSOS DE PUPUNHEIRA CONSERVADOS NA EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL	391
AValiação DA PRODUÇÃO DE CACHOS EM ACESSOS DE ACESSOS DE PUPUNHEIRA CONSERVADOS NA EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL	392
DESVENDANDO A DIVERSIDADE DOS FEJÓEIROS MANTIDOS NAS PEQUENAS PROPRIEDADES RURAIS DE ITAOCARA-RJ	393
DIVERSIDADE E QUALIDADE DE SEMENTES CRIÓULAS DE FEIJÃO-DE-CORDA EM FEIRA DE AGROBIODIVERSIDADE.....	394
DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS E CULTIVARES DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL CARIOCA	395



DIFERENTES SUBSTRATOS NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS DE ROMÃZEIRA	396
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJÃO	397
USO DE REDES NEURAIS PARA A CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO – FAVA QUANTO À SUSCEPTIBILIDADE À ANTRACNOSE	398
PRODUTIVIDADE E REAÇÃO AS PRINCIPAIS DOENÇAS DE LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL CARIOCA.....	399
FENOTIPAGEM DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL PRETO PARA CONDIÇÕES DE TOXIDEX DE ALUMÍNIO	400
CARACTERIZAÇÃO E RELAÇÕES GENÔMICAS PARA A RESISTÊNCIA AO FITOPATÓGENO DO COMPLEXO <i>PHYTOPHTHORA</i> DE CACAUEIROS.....	401
CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE FRUTOS EM ACESSOS DE PUPUNHEIRA	402
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CACAUEIRO BASEADA NO PERFIL DA RESISTÊNCIA <i>PHYTOPHTHORA CITROPHTHORA</i>	403
AVALIAÇÃO SENSORIAL EM FRUTOS DE ACESSOS DE PUPUNHEIRA AO MERCADO DE MESA DE BELÉM - PA.....	404
AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DA PRODUÇÃO CIENTÍFICA SOBRE EXPRESSÃO GÊNICA ASSOCIADA AO DÉFICIT HÍDRICO EM VEGETAIS	405
AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM BACURIZEIROS (<i>PLATONIA INSGNIS</i> MART.) POR MEIO DO MARCADOR ISSR	406
CARACTERIZAÇÃO REPRODUTIVA DE ACESSOS DE <i>Paspalum</i> UTILIZANDO A TÉCNICA DE ANÁLISE CITOEMBRIOLÓGICA	407
DESCRIPTORIOS MORFO-AGRONÔMICOS QUANTITATIVOS NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GERMOPLASMA DE MANDIOCA-DE-MESA DA REGIÃO SUL DE MINAS GERAIS	408
VARIABILIDADE QUÍMICA DOS ÓLEOS ESSENCIAIS DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE <i>LIPPIA ORIGANOIDES</i> KUNTH. COLETADOS NO ESTADO DA BAHIA.....	409
CARACTERIZAÇÃO QUALITATIVA DE POPULAÇÕES LOCAIS DE FEIJOEIRO COMUM.....	410
VARIABILIDADE PARA CARACTERES DE SEMENTES EM CULTIVARES CRIOULAS DE FEIJÃO-CAUPI	411
DISTRIBUIÇÃO EM CLASSES PARA PERÍMETRO EM UMA POPULAÇÃO ORIUNDA DE UM SERINGAL APÓS DÉCADAS DE PLANTIO.....	412
BIOLOGIA REPRODUTIVA DE <i>SOLANUM MALMEANUM</i> APLICADA A CONSERVAÇÃO E USO DO GERMOPLASMA NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA	413
DETERMINAÇÃO DE PARÂMETROS FÍSICO-QUÍMICOS DE ÓLEOS ESSENCIAIS DE ESPÉCIES DO GÊNERO PIPER.....	414



CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE POPULAÇÕES LOCAIS DE FEIJOEIRO COMUM CONSERVADAS E MANEJADAS PELA AGRICULTURA FAMILIAR	415
AValiação DO PERFIL QUÍMICO DE FRUTOS DE <i>Myrciaria floribunda</i> POR ESPECTROMETRIA DE MASSAS COM IONIZAÇÃO POR PAPER SPRAY	416
AValiação DO COMPRIMENTO DE VAGENS E NÚMERO DE GRÃOS POR VAGENS EM ACESSOS DE FEIJÃO CAUPÍ DA REGIÃO DE PEDRO AFONSO-TO	417
FENOLOGIA DE CULTIVARES DE NECTARINA PERTENCENTES A VITRINE TECNOLÓGICA DO IDR-PARANÁ	418
CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS PARA A DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM PIMENTEIRAS (<i>Capsicum</i> spp.)	419
POTENCIAL AGRONÔMICO E DESEMPENHO MORFOLÓGICO DE VARIEDADES CRIOLAS DE FEIJÃO-FAVA NO MUNICÍPIO DE SÃO DOMINGOS DO MARANHÃO (MA)	420
MARCADORES ISSR NA ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM <i>CAPSICUM</i> spp.	421
CAPACIDADE PRODUTIVA DE ACESSOS DE CAMBUIZEIROS (<i>Myrciaria floribunda</i> (H. West ex Willd.) O. Berg)	422
RESPOSTAS DE GENÓTIPOS DE ALFACE À ISOLADOS DE <i>Bremia lactucae</i>	423
AValiação DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES ARMAZENADAS DE GENÓTIPOS DE CAPIM-BUFFEL (<i>Cenchrus ciliaris</i> L.)	424
DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE PIMENTA ORNAMENTAL	425
CARACTERIZAÇÃO DE PLOIDIA INDUZIDA EM <i>Heliconia chartacea</i> var Sexy Pink	426
CARACTERIZAÇÃO BROMATOLÓGICA DE RESÍDUOS DE ABACAXIZEIROS PÓS DESFIBRAMENTO DA FOLHA PARA ALIMENTAÇÃO ANIMAL	427
CONTEÚDO DE DNA (2C) E PLOIDIA DE <i>SOLANUM MALMEANUM</i> (SOLANACEAE)	428
DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE JENIPEIRO BASEADA EM CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS VIA ANÁLISE MULTIVARIADA	429
CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE <i>Cattleya intermédia</i> Grah.	430
PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE <i>Cyrtopodium caiapoense</i> L.C. Menezes	431
DIVERSIDADE DE VISITANTES FLORAIS E POLINIZADORES DO AÇAIZEIRO (<i>Euterpe oleracea</i> Mart.) E CAMUCAMUZEIRO (<i>Myrciaria dubia</i> H.B.K. [Mcvaugh]) EM BELÉM, PA	432
RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM A ANTRACNOSE	433
IDENTIFICAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO RESISTENTES A MANCHA BRANCA	434
Guilherme Weirich Krause ^{1*} , Monalisa Cristina de Cól ¹ , Yasmin Pincegher Siega ¹ , Gabriela Bárbara da Silva Milani ¹ , Talita Durante Bosetti ¹ , Volmir Kist ²	434



Polimorfismo em descritores morfológicos do algodão nativo brasileiro, <i>Gossypium mustelinum</i>	435
TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM <i>Talisia esculenta</i> Radlk.	436
TEORES FOLIARES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM <i>Plinia edulis</i>	437
TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM ESPÉCIES DE ORQUÍDEAS DO GÊNERO <i>Dendrobium</i> Sw.	438
CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE <i>Catasetum fimbriatum</i> (C.Morren) Lindl.	439
CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE <i>Epidendrum fulgens</i> Brongn.....	440
DESENVOLVIMENTO INICIAL DE CULTIVARES DE CANA-DE-AÇÚCAR SOB INFLUÊNCIA DE BIOESTIMULANTE.....	441
CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE <i>Cyrtopodium saintlegerianum</i> Rchb. f.....	442
STATUS DE CONSERVAÇÃO IN-SITU DE BACURIZEIROS (PLATONIA INSIGNIS MART.) EM MORROS, MARANHÃO	443
DESCRIPTORES MORFOAGRONÔMICOS PARA A CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE ERVA-CIDREIRA-BRASILEIRA	444
USO DE ENRAIZADOR A BASE DE ALGAS EM CULTIVARES DE CANA-DE-AÇÚCAR	445
DIVERSIDADE GENÉTICA EM ERVA-CIDREIRA-BRASILEIRA BASEADA EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS	446
IDENTIFICAÇÃO DE MICROSSATÉLITES E SÍNTESE DE PRIMERS PARA DUAS ESPÉCIES FLORESTAIS NATIVAS A PARTIR DE PROGRAMAS DE BIOINFORMÁTICA	447
CARACTERIZAÇÃO BÁSICA DE SEMENTES E FRUTOS DE PEPININHO-DO-MATO (<i>VASCONCELLEA QUERCIFOLIA</i> A.ST. HILL.) UMA PANC NATIVA NO VALE DO TAQUARI/RS.	448
CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DA PALMEIRA <i>Copernicia prunifera</i> (MILL.) H. E. MOORE	449
VARIABILIDADE GENÉTICA EM GERGELIM POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES, MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS.	450
SIMILARIDADE MORFOLÓGICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO MOCÓ DO NORDESTE DO BRASIL	451
<i>Recursos Genéticos Vegetais</i>	452
4 - <i>Conservação e Uso</i>	452
BIOMETRIA DE FRUTOS E SEMENTES DE CAGAITA EM POPULAÇÃO NATURAL	453



MUDANÇAS CLIMÁTICAS E A VIABILIDADE DE SEMENTES DE <i>BOWDICHIA VIRGILIOIDES</i> KUNTH.....	454
CAPACIDADE DE GERMINAÇÃO E CRESCIMENTO INICIAL EM SEMENTES DE MURICI	455
ANÁLISE DA ESTABILIDADE GENÉTICA DE PLANTAS	456
SELEÇÃO DE PRIMERS SCOT E ISSR PARA ANÁLISE DA ESTABILIDADE GENÉTICA DE PLANTAS <i>IN VITRO</i> DE	457
INFLUÊNCIA DE REGULADORES DE CRESCIMENTO VEGETAL E SEUS INIBIDORES NA TOLERÂNCIA À DESSECAÇÃO EM SEMENTES DE <i>CAMPOMANESIA XANTHOCARPA</i>	458
COMPORTAMENTO FISIOLÓGICO DE SEMENTES DE <i>Campomanesia littoralis</i> (D. Legrand) e <i>C. xanthocarpa</i> (O. Berg) DURANTE O ARMAZENAMENTO	459
ARMAZENAMENTO DE SEMENTES DE <i>Mimosa caesalpinifolia</i> Benth	460
EFEITO DE DIFERENTES CONDIÇÕES DE RECUPERAÇÃO NA CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE	462
USO DE ÁPICES CAULINARES OBTIDOS DE BROTO AXILARES E MICROESTACAS <i>IN VITRO</i> PARA A CRIOPRESERVAÇÃO DE <i>Hovenia dulcis</i> THUNB. (RHAMNACEAE)	463
MULTIPLICAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE <i>Bidens pilosa</i> L. SUBMETIDA A DIFERENTES CONCENTRAÇÕES HORMONAIS.....	464
BIOMETRIA DOS FRUTOS DE <i>Rubus erythrocladus</i> Mart. (AMORA-VERDE) NA REGIÃO DO ALTO URUGUAI (RS)	465
CONSERVAÇÃO DE <i>Parkia platycephala</i> (FABACEAE) NO PARQUE NACIONAL DE SETE CIDADES (PI)	466
VIABILIDADE DE SEMENTES DE <i>Cattleya intermedia</i> Graham ex Hook. SOB DIFERENTES FORMAS DE ARMAZENAMENTO	467
DINÂMICA FENOLOGICA DE POPULAÇÕES DE <i>Croton heliotropiifolius</i> KUNTH. EM UM GRADIENTE DE CERRADO/CAATINGA, CHAPADA DIAMANTINA, BRASIL.....	468
AVALIAÇÃO DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE <i>CRAMBE ABSSYNICA</i> HOCHST 469	
BROMELIACEAE JUSS. NO NÚCLEO CURUCUTU, PARQUE	470
ÉPOCA DE FLORESCIMENTO DAS ESPÉCIES DE <i>Tillandsia</i> L.(Bromeliaceae) PARA O ESTADO DA BAHIA	471
DISTÂNCIA E PADRÕES DE DISPERSÃO DE PÓLEN EM JENIPAPO (<i>Genipa americana</i> L.) UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	472
ELETROCONDUTIVIDADE E TESTE DO TETRAZÓLIO COMO MÉTODOS PARA AVALIAR A TOLERÂNCIA A DESSECAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Eugenia pyriformis</i>	473
INIBIDORES DE ÁCIDO FOSFATÍDICO AUMENTAM A TOLERÂNCIA A DESSECAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Eugenia astringens</i>	474



DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE <i>EUTERPE PRECATORIA</i> MART. EM POPULAÇÕES NATURAIS DA AMAZÔNIA	475
DESSECAÇÃO <i>EX SITU</i> DE SEMENTES DE <i>EUTERPE PRECATORIA</i> MART.....	476
ANÁLISE BROMATOLÓGICA E COMPOSIÇÃO QUÍMICA E FIBROSA DA SILAGEM DE TRITICALE (X. <i>Triticosecale wittmack</i>) EM SUBSTITUIÇÃO À SILAGEM DE SORGO	477
USO DE MEIO LÍQUIDO NA MULTIPLICAÇÃO DE CALOS EMBRIOGÊNICOS DE <i>COCOS NUCIFERA</i> L.	478
EFEITO DO TEMPO DE ARMAZENAMENTO DO EMBRIÃO ZIGÓTICO, FONTE DE PLÚMULAS, NA INDUÇÃO DE CALOS DURANTE EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA DE <i>COCOS NUCIFERA</i> L.	479
O GÊNERO <i>Tillandsia</i> L. NO BANCO DE GERMOPLASMA DE BROMÉLIA E UMA NOVA ESPÉCIE PARA A BAHIA, BRASIL.....	480
GERMINAÇÃO IN VITRO DE <i>Dyckia Burchelli</i> Baker (BROMELIACEAE)	481
GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Acca sellowiana</i> (O. Berg) Burret SOB DÉFICIT HÍDRICO ...	482
EFICIÊNCIA NA PROPAGAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE GEMAS AXILARES DE GENITORES DE MARACUJAZEIROS (<i>Passiflora edulis</i> Sims) UTILIZADOS NA PRODUÇÃO DE SEMENTES	483
ORGANOGENESE DE MARACUJAZEIROS (<i>Passiflora edulis</i> Sims) POR MEIO DA TÉCNICA TCL (<i>THIN CELL LAYER</i>)	484
CONSERVAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Tillandsia</i> L. (Bromeliaceae).....	485
DINÂMICA POPULACIONAL DE JABOTICABEIRAS EM DIFERENTES LOCAIS.....	486
VARIÁVEIS METEOROLÓGICAS PREDITORAS DA FENOLOGIA VEGETATIVA E REPRODUTIVA DE JABOTICABEIRA	487
ANÁLISE ANATÔMICA DE RAÍZES ADVENTÍCIAS DE <i>ARACHIS PINTOI</i> KRAPOV. & W.C. GREG. INDUZIDAS <i>IN VITRO</i>	488
SISTEMA REPRODUTIVO DE UMA ESPÉCIE DE <i>Dichorisandra</i> J.C. Mikan PRESENTE EM UM FRAGMENTO DE MATA ATLÂNTICA EM CRUZ DAS ALMAS, BAHIA	489
ENCAPSULAMENTO E CONSERVAÇÃO VIA CONGELAMENTO A -80°C DE EMBRIÕES ZIGÓTICOS DE <i>Butia capitata</i> (Mart.) Becc.	490
DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE <i>Drimys brasiliensis</i> Miers. COMO FERRAMENTA PARA DEFINIÇÃO DE ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES.....	491
CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE <i>Podocarpus lambertii</i> Klotzch Ex Endl. PARA DEFINIÇÃO DE ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES.....	492
VARIABILIDADE NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE MILHO TRANSGÊNICOS E CONVENCIONAIS VISANDO A CONSERVAÇÃO	493
EFICIÊNCIA DO TESTE DE pH DE EXSUDATO NA AVALIAÇÃO QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE <i>PELTOGYNE CONFERTIFLORA</i> (MART. EX HAYNE) BENTH.	494



ASPECTOS MACROMORFOLÓGICOS DE INDIVÍDUOS ADULTOS DE <i>PELTOGYNE CONFERTIFLORA</i> (MART. EX HAYNE) BENTH.	495
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS RELACIONADOS A QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE ALGODÃO VISANDO A CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA.....	496
PROPORÇÃO SEXUAL EM DUAS POPULAÇÕES DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> FR. ALL. PROCEDENTES DE DIFERENTES BIOMAS	497
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DIFERENTES PROCEDÊNCIAS DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> FR. ALL.	498
ASSEPSIA DE DIÁSPOROS DE AROEIRA DO SERTÃO DURANTE A CONSERVAÇÃO DO GERMOPLASMA	499
AJUSTES EM PROTOCOLO DE ESTABELECIMENTO DE GEMAS VEGETATIVAS DE ARARUTA PARA MULTIPLICAÇÃO <i>IN VITRO</i>	500
QUALIDADE FISIOLÓGICA DE MATRIZES DE AROEIRA DO SERTÃO VISANDO A CONSERVAÇÃO DO GERMOPLASMA	501
ESTABELECIMENTO DE UM BANCO DE GERMOPLASMA <i>IN VITRO</i> DE ESPÉCIES DE Bromeliaceae: Tillandsioideae.....	502
CONSERVAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE ESPÉCIES DE BROMELIACEAE AMEAÇADAS DE EXTINÇÃO	503
POTENCIAL DO BARU COMO INGREDIENTE CULINÁRIO.....	504
APROVEITAMENTO DA CASCA E POLPA DE BARU (<i>DIPTERYX ALATA</i> VOG.) E A INTERFERÊNCIA DE TANINOS NA SUA APLICABILIDADE COMO INGREDIENTE	505
IMPACTO DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS FUTURAS NA DISTRIBUIÇÃO POTENCIAL DE <i>Stylosanthes capitata</i> E <i>Stylosanthes macrocephala</i>	506
Desempenho agrônomo de bananeiras provenientes de mudas convencionais e micropropagadas no 1º ciclo de produção.....	507
ÁCIDO INDOLBUTÍRICO NO DESENVOLVIMENTO DE ESTACAS DE UMBUZEIRO NO ESTÁDIO DE DORMÊNCIA.....	508
LEVANTAMENTO FLORÍSTICO DE ORQUIDÁCEAS OCORRENTES NA COSTA LESTE SUL-MATOGROSSENSE	509
Efeitos da combinação do cultivar, sistema de imersão e tipo e concentração de citocinina na taxa regenerativa de Bananeira.....	510
CULTURAS EMBRIOGÊNICAS DE BANANEIRA: INDUÇÃO, CONTEÚDO DE POLIAMINAS E METILAÇÃO DO DNA GLOBAL.	511
PRODUÇÃO DE MUDAS DE COENTRO SOB DIFERENTES FONTES DE LUZ	512
CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE <i>Mimosa scabrella</i> Benth. COM OBJETIVO DE DETERMINAR ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES.....	513



PROMOÇÃO DE CONHECIMENTO SOBRE FRUTAS NATIVAS DA FLORESTA ATLÂNTICA EM ALUNOS DO ENSINO FUNDAMENTAL.....	514
O GÊNERO <i>MICONIA</i> Ruiz & Pav. (MELASTOMATACEAE) NA ESTAÇÃO ECOLÓGICA WENCESLAU GUIMARÃES, BAHIA	515
MULTIPLICAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE BATATA SOB DIODOS EMISSORES DE LUZ	516
AVALIAÇÃO DE ESTRESSE OXIDATIVO DURANTE A CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE <i>Passiflora suberosa</i> L.....	517
VARIAÇÃO GENÉTICA E PERFORMANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> Fr. All. CONSORCIADO COM <i>Jacaranca cuspidifolia</i> Mart.....	518
GRAU DE CONSERVAÇÃO DOS ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE <i>PASPALUM</i> DA EMBRAPA PECUÁRIA SUDESTE DE ACORDO COM ESTOQUES DE SEMENTES EM CÂMARA-FRIA	519
PROPORÇÃO SEXUAL EM ÁRVORES ADULTAS DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> Fr. All. PROCEDENTES DE RIBEIRÃO PRETO – SP.....	520
INTRODUÇÃO DE BANCO DE GERMOPLASMA DE PITAYA NO IFES CAMPUS ITAPINA.....	521
<i>PSYCHOTRIA</i> L. (RUBIACEAE) NA ESTAÇÃO ECOLÓGICA WENCESLAU GUIMARÃES, BAHIA	522
DADOS GENÔMICOS PARA <i>Spondias tuberosa</i> Arr. Cam.....	523
DIVERSIDADE GENÉTICA DE <i>Trema micrantha</i> (L.) Blume, Cannabaceae	524
ESTABELECIMENTO DE UMA COLEÇÃO DE TRABALHO E PARA FINS PEDAGÓGICOS DE VARIEDADES DE MANDIOCA NA ESCOLA RURAL TINA CARVALHO - ERTC	525
ABERTURA CARPELAR DE ACESSOS PINHEIRA (<i>Annona squamosa</i> L.) E A CONSERVAÇÃO PÓS-COLHEITA DOS FRUTOS	526
DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE GOIABAS POR MEIO DE CARACTERES QUALITATIVOS	527
GERMINAÇÃO E DESENVOLVIMENTO PÓS-SEMINAL EM GENÓTIPOS DE CAMBUIZEIRO (<i>Myrciaria floribunda</i> (H. West Ex Willd.) O. Berg.) <i>IN VITRO</i>	528
PRODUÇÃO DE SEMENTES CRIOULAS EM ENCANTADO E DOUTOR RICARDO, VALE DO TAQUARI/RS.	529
GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE MURICIZEIRO (<i>Byrsonima crassifolia</i> (L.) Kunt.) APÓS TRATAMENTO DE PIRÊNIOS COM GA ₃	530
CRIOPRESERVAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Vriesea reitzii</i> Leme & A. Costa BROMELIA NATIVA DA MATA ATLÂNTICA.....	531
AVALIAÇÃO DE MEIOS DE CULTIVO PARA MULTIPLICAÇÃO E PRESERVAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE ESPÉCIES DE <i>Manihot</i>	532
USO DE SISTEMAS DE CULTIVO COM TROCAS GASOSAS NA MICROPROPAGAÇÃO DO BAMBU <i>GUADUA CHACOENSIS</i>	533



INICIATIVAS DE CONSERVAÇÃO IN SITU/ON FARM DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA NO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL	534
GERMINAÇÃO EM ACESSOS DE <i>Stylosanthes</i> sp.....	535
MONITORAÇÃO DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DA COLEÇÃO DE FEIJÃO-CAUPI DA COLEÇÃO DE BASE DE GERMOPLASMA-SEMENTE DA EMBRAPA.....	536
BIBLIOTECA GENÔMICA ENRIQUECIDA COM SEQUENCIAS SIMPLES REPETITIVAS (SSR) PARA A OBTENÇÃO DE MARCADORES SSR PARA <i>Brosimum gaudichaudii</i> TRÉC.	537
AValiação de sistemas para a germinação de sementes de <i>Dendrocalamus asper</i> (POACEAE; BAMBUSOIDEAE)	538
TOLERÂNCIA À DESSECAÇÃO E CRIOPRESERVAÇÃO DE SEMENTES DE BAMBU (<i>Dendrocalamus asper</i>)	539
CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE SEMENTES DE <i>Virola surinamensis</i> (Rol.) Warb. (Myristicaceae) DE DIFERENTES PROCEDÊNCIAS DA AMAZÔNIA	540
VARIABILIDADE GENÉTICA DE MUDAS DE <i>Virola surinamensis</i> (Rol.) Warb. (Myristicaceae) AO LONGO DO ESTUÁRIO AMAZÔNICO	541
CONSERVAÇÃO E USO DE GERMOPLASMA DE MELANCIA NA REGIÃO LESTE DO MARANHÃO	542
CONSERVAÇÃO EX SITU DE <i>Eucalyptus viminalis</i>	543
EFEITO DOS REGULADORES DE CRESCIMENTO VEGETAL NO ENRAIZAMENTO IN VITRO DE <i>HIMANTHUS SUCUUBA</i> , PLANTA MEDICINAL AMAZÔNICA	544
EFFECT OF STORAGE ON THE PHYSIOLOGICAL QUALITY OF <i>Pterogyne nitens</i> Tul. SEEDS PRESERVED IN COLD STORAGE.....	545
PROPORÇÃO SEXUAL EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> EM DIFERENTES EVENTOS REPRODUTIVOS	546
SEMENTES DE IPÊ-CASCUDO PODEM SER ARMAZENADAS EM GELADEIRA POR ATÉ 18 MESES SEM PERDER A QUALIDADE.....	547
ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA ESPÉCIE <i>Dendrobium nobile</i> Lindl. (ORCHIDACEAE) NO ESTADO DO PARANÁ	548
QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES EM ACESSOS DE <i>Vigna unguiculata</i> (L) Walp	549
DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE <i>Acca sellowiana</i> (O.Berg) Burret COMO INSTRUMENTO PARA DETERMINAÇÃO DE ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES.....	550
IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES NATIVAS PARA USO ORNAMENTAL	551
AÇÕES DE CONSCIENTIZAÇÃO PARA A CONSERVAÇÃO E O USO SUSTENTÁVEL DE RECURSOS GENÉTICOS DOS BUTIAZAIS.....	552
INVENTÁRIO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PATAUÁ	553



VARIAÇÃO GENÉTICA EM PROGÊNIES DE <i>Jacaranda cuspidifolia</i> Mart. PROCEDENTES DE ÁREA DEGRADADA	554
CRIOPRESERVAÇÃO DE GRÃOS DE PÓLEN DE ESPÉCIES SILVESTRES DE <i>Passiflora</i> L.	555
SISTEMA DE REPRODUÇÃO E TAMANHO EFETIVO EM PROGÊNIES DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> F.F. & M.F. ALEMÃO	556
DEFINING EFFICIENT STRATEGIES FOR THE CONSERVATION OF NATIVE FOREST SPECIES OF PARAGUAY	557
DIFERENCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE <i>Roupala montana</i> var. <i>brasiliensis</i> BASEADA EM MARCADORES MICROSSATÉLITES	558
PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE <i>DIPTERYX ODORATA</i> : UMA ESPÉCIE POTENCIAL PARA RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS, PERU	559
CONTAMINAÇÃO EM SEMENTES DE VARIEDADES CRIOLAS DE MILHO COM PROTEÍNAS TRANSGÊNICAS NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO	560
IMPERMEABILIDADE TEGUMENTAR E VARIAÇÃO NO PODER GERMINAÇÃO DE UM ACESSO DE FEIJÃO (<i>Phaseolus vulgaris</i>)	561
ONDE AS MUDANÇAS CLIMÁTICAS CASTIGARÃO MAIS? MAPEAMENTO DE POPULAÇÕES DE ANGICO-DE-CAROÇO PRIORITÁRIAS PARA CONSERVAÇÃO	562
SOBREVIVÊNCIA DE PROPÁGULOS DE XAXIM (<i>DICKSONIA SELLOWIANA</i> HOOK.) DE DISTINTOS TAMANHOS E EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE SOMBREAMENTO	563
Unidades encapsuláveis de mandioca (Vassourinha)	564
EFEITO DE SUBSTRATOS NA PRODUÇÃO DE MUDAS DE <i>Melocactus ernestii</i> VAUPEL SUBESP. <i>ernestii</i> EM VASO	565
BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CAJUEIRO: O DESAFIO NA REESTRUTURAÇÃO DO ACERVO	566
ACLIMATIZAÇÃO DE PLANTAS DE <i>Melocactus curvispinus</i> PFEIFF EM SUBSTRATOS COMERCIAIS	567
IDENTIFICAÇÃO DOS IMPACTOS AMBIENTAIS NO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CAJUEIRO	568
EFEITO DO SUBSTRATO NA PRODUÇÃO DE MUDAS DE <i>Melocactus oreas</i> MIQ SUBSP. <i>oreas</i> EM VASO	569
ACLIMATIZAÇÃO DE PLANTAS DE <i>Echinocactus grusonii</i> EM SUBSTRATOS COMERCIAIS	570
<i>Myracrodruon urundeuva</i> Allemão: REPRESENTATIVIDADE GENÉTICA EM DIFERENTES ARRANJOS DE ESPÉCIES ARBÓREAS EM MODELO DE REFLORESTAMENTO CILIAR	571
ANÁLISE DO TEOR DE ANTOCIANINAS EM POPULAÇÕES LOCAIS DE MILHO UTILIZADAS NA MERENDA ESCOLAR	572



TEOR DE CAROTENOIDES EM POPULAÇÕES DE MILHO LOCAL UTILIZADAS NA ALIMENTAÇÃO HUMANA.....	573
CONSERVAÇÃO DE SEMENTES DE FEIJÃO- FAVA.....	574
<i>Recursos Genéticos Vegetais</i>	575
<i>5 – Documentação</i>	575
PLATAFORMA ALELO – APLICAÇÃO DO PORTAL PARA GESTÃO E DIVULGAÇÃO DO BANCO DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO DO RIO DE JANEIRO	576
IMPLEMENTAÇÃO DO SISTEMA DE QUALIDADE TOTAL NO BAG ARROZ E FEIJÃO	577
HISTÓRIA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PEREIRA DA EPAGRI/ESTAÇÃO EXPERIMENTAL DE CAÇADOR E CULTIVARES GERADOS NO BRASIL	578
Descrição do Banco Ativo de Germoplasma de <i>Paspalum</i> da Embrapa Pecuária Sudeste a partir dos dados de passaporte.....	579
<i>Recursos Genéticos Vegetais</i>	580
<i>6 - Pré-melhoramento e Melhoramento</i>	580
GENETIC PROGRESS IN LINT YIELD AND ASSOCIATED TRAITS IN UPLAND COTTON RELEASED IN VENEZUELA SINCE 1963 TO 2010.....	581
HETEROSIS AND COMBINING ANALYSIS OF INTERVARIETAL MAIZE HYBRIDS WITH HIGH QUALITY PROTEIN	582
EFEITO DO ÁCIDO GIBERÉLICO NA GERMINAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE EMBRIÕES DE <i>Musa</i> spp.	583
SELEÇÃO COMBINADA PARA CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS GRÃOS DE CULTIVARES DE FEIJÃO	584
SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO DE COZIMENTO RÁPIDO E BIOFORTIFICADAS PARA MINERAIS	585
ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE VIA METODOLOGIA AMMI	586
USO DA METODOLOGIA MHPVVG NA AVALIAÇÃO DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE	587
SELEÇÃO COMBINADA PARA CARACTERES TECNOLÓGICOS E MINERAIS DE VARIEDADES LOCAIS E CULTIVARES DE FEIJÃO.....	588
PRÉ- MELHORAMENTO DE UM ACESSO DE PIMENTA ORNAMENTAL.....	589
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO DE GRÃOS DE FEIJOEIRO CULTIVADOS EM DIFERENTES AMBIENTES E ÉPOCAS DE SEMEADURA	590
TEOR DE PROTEÍNA BRUTA EM GRÃOS DE FEIJOEIRO AVALIADO POR DIFERENTES MÉTODOS	591



POLIPLOIDIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE <i>Paspalum compressifolium</i> E <i>P. lenticulare</i>	592
DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE VARIEDADES LOCAIS E CULTIVARES DE FEIJÃO BASEADA EM CARACTERES TECNOLÓGICOS E NUTRICIONAIS	593
INOCULAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE SEGMENTOS NODAIS DE <i>Olea europaea</i> L.	594
SOBREVIVÊNCIA E ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE <i>Araucaria angustifolia</i> (Bert.) O. Kuntze SOB EFEITO DE ÁCIDO INDOLBUTÍRICO	595
IDENTIFICAÇÃO DA ORIGEM GENÔMICA POR ALINHAMENTO DE SEQUÊNCIAS MICROSSATÉLITES DE <i>Eugenia uniflora</i> L.	596
MÉTODOS ALTERNATIVOS PARA SUPERAÇÃO DE DORMÊNCIA DE SEMENTES DE LEUCENA	597
DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CULTIVARES DE FEIJÃO BASEADA EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS GRÃOS	598
CULTIVARES BRASILEIRAS DE FEIJÃO COMUM: DIVERSIDADE GENÉTICA E DIFERENCIAÇÃO POPULACIONAL ENTRE AS PRINCIPAIS CLASSES COMERCIAIS.....	599
ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA COR E ESCURECIMENTO DO TEGUMENTO DO GRÃO DE FEIJÃO CARIOCA	600
DESENVOLVIMENTO DE JEQUITIBÁ-ROSA (<i>Cariniana legalis</i> M.) E IPÊ-FELPUDO (<i>Zeyheria tuberculosa</i> V.) EM POMAR DE RECOMBINAÇÃO <i>INDOOR</i>	601
CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E RENDIMENTO DE POLPA DE <i>Annona squamosa</i> L. DO SUDOESTE BAIANO	602
GANHOS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-FAVA	603
RESPOSTA DAS CULTIVARES DE GERGELIM SUBMETIDAS À DOSES DE NITROGÊNIO NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO	604
CRESCIMENTO DE CULTIVARES DE MANDIOCA DE MESA EM FUNÇÃO DA ADUBAÇÃO FOSFATADA	605
CLASSIFICAÇÃO MORFOLÓGICA DE EMBRIÕES EM SEMENTES DE DIPLOIDES DE BANANEIRA	606
NOVA FONTE DE RESISTÊNCIA GENÉTICA À ANTRACNOSE IDENTIFICADA DA VARIEDADE DE FEIJÃO CARIOCA	607
VARIAÇÃO GENÉTICA EM TESTE DE PROGÊNIE E PROCEDÊNCIA DE <i>Dipteryx alata</i> Vog. (FABACEAE) PARA CARACTERES DE CRESCIMENTO.....	608
POTENCIAL DE SELEÇÃO PRECOCE EM UM TESTE DE PROGÊNIE DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> AVALIADO EM TRÊS IDADES	609
PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE FEIJÃO-FAVA	610



ESOM APLICADOS AO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE UVA DE MESA DO BANCO DE GERMOPLASMA DE Videira da EMBRAPA SEMIÁRIDO	611
DIVERSIDADE GENÉTICA E OBTENÇÃO DE <i>CORE COLLECTION</i> EM GERMOPLASMA DE FEIJÃO COMUM	612
DINÂMICA DA METILAÇÃO DURANTE A INDUÇÃO DE CALOS EM EXPLANTES FOLIARES DE <i>ELAEIS OLEIFERA</i> X <i>E. GUINEENSIS</i> DURANTE A EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA	613
DECIDUIDADE EM PROGÊNIES DE IPÊ AMARELO	614
Diversidade genética através de microssatélites em <i>Cynodon dactylon</i>	615
ANÁLISE DE TRILHA ENTRE CARACTERES VEGETATIVOS E DE PRODUÇÃO EM FEIJÃO-FAVA	616
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PROGÊNIES F ₄ DE FEIJÃO-FAVA POR RELM/BLUP	617
DIVERSIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS DE UVAS PARA MESA NO VALE DO SÃO FRANCISCO	618
AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE <i>Coffea canephora</i> COM BASE NO DESENVOLVIMENTO VEGETATIVO INICIAL	619
LEVANTAMENTO DE VAQUINHA (<i>Diabrotica speciosa</i> Germ.) EM ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO-CAUPI DA UFC	620
USO DE GERMOPLASMA E PARTICIPAÇÃO COLABORATIVA ENTRE EQUIPES INTERDISCIPLINARES: ETAPAS ESSENCIAIS PARA O DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES ...	621
SELEÇÃO GENÉTICA EM PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus urophylla</i> S.T. BLAKE COM SOBREPOSIÇÃO DE GERAÇÕES	622
O SUCESSO DO USO DE GRÃOS DE PÓLEN CRIOPRESERVADOS EM CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS DE ESPÉCIES ASSÍNCRONAS DE <i>Paspalum</i>	623
DESEMPENHO AGRONÔMICO DO ALGODÃO NATURALMENTE COLORIDO EM FUNÇÃO DA ADUBAÇÃO FOSFATADA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO	624
COMPARAÇÃO DE PROTOCOLOS PARA EXTRAÇÃO DE DNA GENÔMICO EM <i>Prosopis juliflora</i> (SW.) DC	625
POTENCIAL AGRONÔMICO E TECNOLÓGICO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJÃO	626
NÚMERO DE RAMOS EM CULTIVARES DE ALGODÃO NATURALMENTE COLORIDO SUBMETIDOS À ADUBAÇÃO FOSFATADA	627
INDUÇÃO DE CALOS A PARTIR DE DISCOS FOLIARES DA CULTIVAR CINGAPURA DE PIMENTEIRA-DO-REINO	628
MICROPROPAGAÇÃO DE BANANEIRA EM SISTEMA SEMISSÓLIDO E BIORRETORES DE IMERSÃO TEMPORÁRIA	629



ACLIMATIZAÇÃO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE <i>DENDROCALAMUS ASPER</i> COM USO DE SUBSTRATOS E MICORRIZAÇÃO	630
ÉPOCAS DE PLANTIO NO DESEMPENHO PRODUTIVO DE CULTIVARES DE FEIJÃO	631
REAÇÃO DE SUBACESSOS DE MELOEIRO AO <i>MELOIDOGYNE ENTEROLOBI</i>	632
CONTRIBUIÇÃO DE DESCRITORES PARA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SEIS POPULAÇÕES DE MELANCIA	633
MELHORAMENTO GENÉTICO INDIRETO DE CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE MELANCIA	634
POTENCIAL DE CULTIVO E USO DE LINHAGENS DE FEIJÃO	635
DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS DE MANDIOCA PARA CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS Y AGRONÓMICAS	636
VARIABILIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÃO ENTRE OS GENÓTIPOS DE <i>Dipteryx alata</i> Vogel PARA PLANTIO POR SEMENTES OU PROPAGAÇÃO VEGETATIVA	637
ESTIMATIVA DO NÚMERO DE REPETIÇÕES PARA AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MELÃO DO GRUPO INODORUS	638
HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 414723 À RAÇA 'BR06' DE <i>Podosphaera xanthii</i> L.	639
FENOTIPAGEM PARA DESEMPENHO AGRONÔMICO DE LINHAGENS EM FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL PRETO NO ESTADO DO PARANÁ	640
FENOTIPAGEM DE FRUTOS DE GENÓTIPOS DE AMEIXA	641
ANÁLISE QUALITATIVA PARA TOLERÂNCIA A ESTRESSES BIÓTICOS EM CAFÉ CONILON	642
ANÁLISE VISUAL PARA TOLERÂNCIA À SECA E ESTIMATIVA DE PRODUÇÃO DE <i>Coffea canephora</i>	643
INDUÇÃO DE EMBRIÕES GINOGENÉTICOS EM CEBOLA (<i>Allium cepa</i> L.)	644
PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES DE SEMENTES DE <i>Ormosia discolor</i> SOB DIFERENTES CONDIÇÕES AMBIENTAIS	645
AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE <i>Coffea canephora</i> COM BASE NA MATURAÇÃO E TAMANHO DOS FRUTOS	646
ESTABELECIMENTO E MULTIPLICAÇÃO <i>in vitro</i> DE <i>Echinochloa polystachya</i> (KUNTH) HITCHC.	647
INFLUÊNCIA DE BIOCIDAS NA FORMAÇÃO DE BROTO DE MELANCIEIRA <i>IN VITRO</i>	648
PARÂMETROS GENÉTICOS DE SUBMOSTRAS DE SACHA INCHI CULTIVADAS NO ESTADO DO AMAZONAS	649
PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES DE SEMENTES E CRESCIMENTO INICIAL DE MUDAS DE <i>Ormosia excelsa</i> Benth	650



MANDIOCAS DE INDÚSTRIA EM ÁREA DE CERRADO DE RORAIMA NA SAFRA 2018/2019 ...	651
MANDIOCAS DE MESA EM ÁREA DE CERRADO DE RORAIMA NA SAFRA 2018/2019	652
EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS E DE DOMINÂNCIA EM PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus urophylla</i> S.T. BLAKE.....	653
PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE <i>Eucalyptus urophylla</i> S.T. BLAK NO BOLSÃO SUL MATO GROSSENSE.....	654
VARIAÇÃO GENÉTICA EM PROGÊNIES DE <i>Schizolobium parahyba</i> (VELLOZO) NO BOLSÃO SUL MATOGROSSENSE.	655
USO DE BIOCIDAS NA ESTERELIZAÇÃO DO MEIO DE CULTURA NO CULTIVO <i>IN VITRO</i> DE MELANCIEIRA	656
INCORPORANDO A INFORMAÇÃO A PRIORI NAS AVALIAÇÕES GENÉTICAS: UMA APLICAÇÃO NO MELHORAMENTO DA SOJA	657
CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA PARA O CARÁTER ALTURA EM PROGÊNIES DE <i>Myracrodruon</i> <i>urundeuva</i> Fr. Allemão	658
INFERÊNCIA FISHERIANA E BAYESIANA NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE <i>JATROPHA</i> <i>CURCAS</i>	659
VARIAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES E PROGÊNIES DE <i>ASTRONIUM URUNDEUVA</i> (M. ALLEMÃO) ENGL. (ANACARDIACEAE) DO CERRADO	660
O IMPACTO DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS EM CARACTERES SILVICULTURAIS DE <i>ASTRONIUM</i> <i>URUNDEUVA</i> (M. ALLEMÃO) ENGL. (ANACARDIACEAE).....	661
VIABILIDADE DO PÓLEN DE <i>Euterpe precatoria</i> ARMAZENADO EM DIFERENTES TEMPERATURAS E TEMPOS.....	662
SELEÇÃO SIMULTÂNEA E CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES BIOQUÍMICOS EM POPULAÇÃO NATURAL DE <i>Hymenaea stigonocarpa</i> Mart. ex Hayne.....	663
FLORESCIMENTO E VIABILIDADE DE PÓLEN DE AÇAIZEIROS DO PARÁ NA AMAZÔNIA OCIDENTAL.....	664
CARACTERIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM	665
OTIMIZAÇÃO DAS FASES DE DIFERENCIAÇÃO E GERMINAÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE PALMA DE ÓLEO (<i>ELAEIS</i> SPP.)	666
EFEITO DO ÁCIDO INDOLBUTÍRICO NA MELHORIA DO ENRAIZAMENTO DE PLANTAS DE PALMA DE ÓLEO (<i>ELAEIS</i> SPP.) CLONADAS POR EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA	667
Variação genética em teste de segunda geração de progênies de <i>Pinus tecunumanii</i> (Eguiluz & Perry) para caracteres de crescimento	668
CORRELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS ADITIVOS E GENOTÍPICOS EM PROGÊNIES DE <i>Pinus caribaea</i> var. <i>bahamensis</i> , PARA SELEÇÃO CLONAL OU SEMINAL	669
FLORESCIMENTO E VIABILIDADE DE PÓLEN EM <i>Astrocaryum acaule</i> Mart.....	670



ANÁLISE DE DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES DO TIPO SSRs PARA O FEIJÃO COMUM A PARTIR DO SEU GENOMA.....	671
ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) DO HÁBITO DE CRESCIMENTO EM FEIJÃO-COMUM	672
SELECTION OF SILAGE MAIZE BY HALF-SIBS FAMILIES.....	673
DESENVOLVIMENTO E FENOTIPAGEM DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE ARROZ PARA RESISTÊNCIA À BRUSONE	674
CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL EM GERMOPLASMA CRIOULO DE FEIJÃO	675
CARACTERES FENOLÓGICOS E AGRONOMICOS DE LINHAGENS DE FEIJÃO	676
PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus tereticornis</i> EM SELVÍRIA-MS.....	677
VARIAÇÃO GENÉTICA DE UM BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE DUAS POPULAÇÕES DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> Fr. All	678
CALOGÊNESE EM INFLORESCÊNCIAS DO HÍBRIDO INTERESPECÍFICO DE DENDEZEIRO UTILIZANDO A TÉCNICA THIN CELL LAYER	679
INDUÇÃO DE CALOS A PARTIR DE FLORES OBTIDAS <i>IN VITRO</i> DO HÍBRIDO INTERESPECÍFICO DE DENDEZEIRO ATRAVÉS DO MÉTODO THIN CELL LAYER.....	680
SISTEMA REPRODUTIVO E PARÂMETROS GENÉTICOS DE PROGÊNIES DE <i>Parkia multijuga</i> Benth.....	681
Comparação de descritores morfológicos e de peso de cacho entre o genótipo de bananeira Bagban180, novo acesso do subgrupo Prata, e ‘Prata Anã’	682
DIVERSIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES NUTRICIONAIS EM PROGÊNIES DE <i>Cariniana estrellensis</i> (Raddi) Kuntze	683
DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENOTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFC	684
DESEMPENHO DE LINHAGENS DE ALGODOEIRO NO SERTÃO DO PAJEÚ PERNAMBUCANO	685
DIVERSIDADE GENÉTICA DE MARACUJAZEIROS DO SONO (<i>Passiflora setacea</i> DC) EM VITÓRIA DA CONQUISTA, BA, BRASIL	687
IDENTIFICAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO RESISTENTES A CERCOSPORIOSE	688
AValiação de variedades locais de milho quanto a resistência a HELMINTOSPORIOSE	689
VARIABILIDADE GENÉTICA DE <i>Vigna unguiculata</i> (L) Walp POR MEIO DE CARACTERES BIOMÉTRICOS DE SEMENTES	690
NODULAÇÃO DE RIZÓBIO EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI	691
VIABILIDADE DE CRUZAMENTOS DE ESPÉCIES DE PIMENTAS	692



'BRS TAINÁ': NOVA CULTIVAR DE UVAS SEM SEMENTES DE COR BRANCA PARA O SUBMÉDIO DO VALE DO SÃO FRANCISCO.....	693
ESTIMATE OF <i>Pinus elliotii</i> Engelm. GENETIC PARAMETERS FOR WOOD PRODUCTION.....	694
REDE DE CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERÍSTICAS DE PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE FRUTO EM LINHAGENS F ₅ DE MAMOEIRO	695
ENSAIO DE VALOR DE CULTIVO E USO DE ALGODOEIRO HERBÁCEO NO SEMIÁRIDO NORDESTINO	696
DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO CULTIVADAS NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO, BRASIL	697
DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE NA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DOS FRUTOS DO TOMATEIRO.....	698
DIVERGÊNCIA E CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DE CARACTERES DE FRUTOS ENTRE ACESSOS DE TOMATEIRO.....	699
VARIAÇÃO GENÉTICA PARA ALTURA DE BROTAÇÕES EM <i>Myracrodruon urundeuva</i> Fr. Allemão E <i>Astronium fraxinifolium</i> Schott.....	700
POTENCIAL PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE <i>UROCHLOA spp.</i> EM AMBIENTE SEMIÁRIDO...	701
VARIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERES DE SILVICULTURAIS EM POPULAÇÃO NATURAL DE <i>Copaifera langsdorffii</i> Desf.....	702
RESISTÊNCIA DE CUCURBITA SPP. AO FUSARIUM SOLANI.....	703
<i>Assuntos transversais de interesse à mais de uma área</i>	<i>704</i>
Conservação in situ e on farm de recursos genéticos através do programa GIAHS da FAO .	705
IMPLEMENTAÇÃO DE UM SISTEMA DE GESTÃO DA QUALIDADE NA COLEÇÃO DE BASE DE GERMOPLASMA-SEMENTE DA EMBRAPA	706
A GESTÃO DA QUALIDADE NOS RECURSOS GENÉTICOS DA EMBRAPA: IMPLEMENTAÇÃO, MONITORAMENTO E AVANÇOS	707
IMPLEMENTAÇÃO E MONITORAMENTO DOS REQUISITOS DO MODELO CORPORATIVO DE GESTÃO NA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS PATOGENICOS A CAPRINOS E OVINOS DA EMBRAPA	708
INSUFICIÊNCIA DE PIMENTAS ORNAMENTAIS NO BRASIL.....	709



VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

RECURSOS GENÉTICOS E BIOECONOMIA: INOVAÇÃO PARA UM FUTURO SUSTENTÁVEL



Recursos Genéticos Animais

1- Impactos econômicos, sociais e ambientais



ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA PARTO PRECOCE AOS 24 E 26 MESES DE IDADE EM NOVILHAS DA RAÇA NELORE

Alejandro Barrera Carvajal^{1*}; Lúcio Flávio Macedo Mota²; Tádía Emanuele Stivanin¹, Fernando Sebastian Baldi Rey¹; Raysildo Barbosa Lôbo³; Danísio Prado Munari¹.

¹Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal - SP, Brasil. ²University of Padua, Legnaro - PD, Italy. ³Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto - SP, Brasil. *alejandrobarreracarvajal@gmail.com

O conhecimento dos principais processos biológicos envolvidos na expressão da precocidade sexual representa importante fator para auxiliar no desenvolvimento de estratégias para reduzir a idade ao primeiro parto. Dessa forma, objetivamos identificar regiões genômicas e os principais processos biológicos que explicam a variação na precocidade sexual aos 24 e 26 meses de idade pela integração de estudos de associação genômica ampla (GWAS) e ontologia gênica. Para isso, o total de 66.496 novilhas Nelore foi avaliado para parto precoce aos 24 (PP24) e 26 (PP26) meses de idade, do qual informações genômicas de 454.236 marcadores SNP de 8.545 novilhas foram utilizadas. A análise de GWAS foi realizada utilizando modelo bi-característica considerando GWAS ponderado de passo único (WssGWAS). As regiões que explicaram mais que 1% da variância genética aditiva foram utilizadas para os genes dentro dessas regiões usando o NCBI BioSystems, mediante o mapa *Bos taurus* ARS-UCD 1.2. A classificação funcional para os mecanismos e vias biológicas associados ao conjunto de genes candidatos foi realizada mediante o pacote clusterProfiler e ReactomePA do software R. Nove regiões genômicas foram indicadas para PP24 (BTA 2, 3, 4, 5, 6, 9, 14, 16 e 22) e PP26 (BTA 1, 4, 5, 6, 11, 14, 16, 22 e 28). Destas regiões significantes, seis regiões genômicas (BTA 4, 5, 6, 14, 16 e 22) apresentaram efeito pleiotrópico que explica grande proporção da variância genética aditiva de PP24 (10,8 %) e PP26 (9,7 %) e a correlação genética entre ambas ($r_A = 0,87$). Essas regiões genômicas pleiotrópicas abrigam genes-chave (*IGF1*, *LEP*, *KISS1*, *LYN*, *REN*, *GHRL*, *LYN*, *RPS20*, *MOS*, *PLAG1*, *CHCD7*, *SDR16C6*, *GNRHR* e *BTG2*) que desempenham papel biológico importante no controle da sinalização e do metabolismo hormonal, afetando o crescimento animal, fertilidade em novilhas e idade ao primeiro parto. Assim, regiões genômicas responsáveis por diferenças em processos fisiológicos que suportam interações complexas entre os eixos gonadotrópicos e a precocidade sexual em novilhas Nelore foram evidenciadas.

Palavras-chave: associação genômica; bovinos de corte; precocidade sexual

Agradecimentos: À ANCP pela concessão de dados e a CAPES e CNPq pela concessão de bolsas de estudo e de pesquisa.



ESTUDOS DE ASSOCIAÇÃO E ONTOLOGIA GÊNICA EVIDENCIAM O CONTROLE NEUROENDÓCRINO DA PRECOCIDADE SEXUAL AOS 28 E 30 MESES DE IDADE EM NOVILHAS NELORE

Alejandro Barrera Carvajal¹; Lúcio Flávio Macedo Mota²; Ana Carolina de Jesus Oliveira¹; Fernando Sebastian Baldi Rey¹; Raysildo Barbosa Lôbo³; Danísio Prado Munari¹.

¹Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal - SP, Brasil. ²University of Padua (DAFNAE) Legnaro - PD, Italy. ³Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto - SP, Brasil. *alejandrobarreracarvajal@gmail.com

A identificação dos mecanismos fisiológicos que podem potencialmente impactar a precocidade sexual têm o potencial de ajudar o desenvolvimento de estratégias de seleção de fêmeas bovinas precoces. Assim, objetivamos identificar potenciais regiões genômicas e fatores biológicos que afetam o parto precoce aos 28 (PP28) e 30 (PP30) meses de idade de novilhas Nelore pela integração de estudo de associação genômica ampla (GWAS) e ontologia gênica. Os totais de 66.496 registros fenotípicos de PP28 e PP30 e de 8.545 genótipos com informação genômica de 454.236 marcadores SNP foram cedidos pela ANCP. Os dados foram utilizados para GWAS utilizando modelo bi-característica pelo método de passo-único ponderado (WssGWAS). As regiões genômicas que explicaram mais que 1% da variância genética aditiva foram determinadas como significativas e os genes presentes nessas regiões foram identificados considerando o mapa *Bos taurus* ARS-UCD 1.2. A classificação funcional dos genes candidatos foi determinada usando o pacote clusterProfiler do software R. Doze e onze regiões genômicas foram associadas com PP28 (BTA 1, 2, 4, 5, 6, 7, 11, 13, 14, 16, 22 e 28) e PP30 (BTA 2, 5, 6, 7, 8, 11, 13, 14, 16, 18 e 24), respectivamente. Essas regiões genômicas explicaram 20,1% e 21,2 % da variância genética aditiva para PP28 e PP30, respectivamente. Oito regiões genômicas (BTA 2, 5, 6, 7, 11, 13, 14 e 16) mostraram efeitos pleiotrópicos significativos que explicam a correlação genética entre PP28 e PP30 ($r_A = 0,77$). Mediante a análise de enriquecimento funcional, os genes *IGFBP2*, *IGFBP5*, *IGF1*, *KISS1*, *LYN*, *PLAG1*, *MOS*, *REN*, *KISS1*, *INSR*, *SLA2*, e *GnRHR* foram indicados como reguladores importantes de processos fisiológicos que afetam a precocidade sexual, como substratos metabólicos (glicose e insulina), secreção e transporte de hormônios endócrinos (GnRH, LH e FSH), e qualidade e desenvolvimento do oócito. Em geral, as regiões genômicas evidenciaram a importância da modulação de fatores fisiológicos e metabólicos que afetam a precocidade sexual, proporcionando assim melhor compreensão da relação entre metabólicos específicos e a variabilidade genética das características estudadas em novilhas Nelore.

Palavras-chave: bovinos de corte; idade à puberdade; zebuínos

Agradecimentos: À ANCP pela concessão de dados e a CAPES e CNPq pela concessão de bolsas de estudo e de pesquisa.



EFEITO DO ESTRESSE TERMICO SOBRE AS CARACTERISTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS

Joel Alves da Silva¹; Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Mariana Stucki Alves¹; Deise Mescua Zuim¹; Joanir Pereira Eler²; José Bento Sterman Ferraz²; Annaiza Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA-USP). *E-mail: joel.alveszootecnia@gmail.com.

Animais de produção possuem uma zona de conforto térmico que é dependente da espécie, estado fisiológico, temperatura, umidade relativa, velocidade do vento e radiação solar. O estresse térmico pode afetar a ingestão de alimento e, consequentemente, a disponibilidade de energia para manutenção e produção. O estresse calórico durante a gestação pode comprometer o desempenho fetal e causar prejuízos na vida adulta. Assim, objetivou-se determinar o efeito causado pelo estresse térmico durante o final da gestação sobre o peso ao nascimento (PN) e peso à desmama (PD) de bovinos de corte Composto Tropical Montana. Para o presente estudo foram utilizados 276.680 registros de PN, com média geral de 33,22 (4,99) kg e 277.699 registros de PD, com média geral de 197,4 (37,49) kg. Os animais nasceram entre 1996 e 2019 em 43 fazendas de 8 estados das regiões sul, sudeste, centro-oeste e norte do Brasil. Um modelo fixo foi aplicado aos registros de PN e PD para a obtenção de médias de mínimos quadrados dessas características sobre o índice de temperatura e umidade (ITU) médio calculado sobre os últimos 40 dias de gestação. O ITU foi calculado pela seguinte forma: $ITU = (1,8 \times T + 32) - (0,55 - 0,0055 \times UR) \times (1,8 \times T - 26)$, em que T é a temperatura em graus Celsius e UR a umidade relativa do ar. O modelo incluiu os seguintes efeitos: grupo de contemporâneos, composição racial, heterozigose, idade à mensuração (para PD), idade da vaca ao parto e o ITU. Um modelo de regressão linear foi ajustado às médias de mínimos quadrados para avaliar o impacto do ITU sobre o desempenho dos animais. O ITU médio dos últimos dias de gestação afetou significativamente ($P < 0,0001$) o PN ($-0,051$ kg/ITU, $R^2 = 79,98\%$) e o PD ($-0,892$ kg/ITU, $R^2 = 96,61\%$) dos bovinos de corte compostos. Baseado nesses resultados, é esperado que, em média, bezerros de corte compostos que foram expostos a ITU = 77 nasçam 1,28 kg e desmamem 22,32 kg mais leves que bezerros que foram expostos a ITU = 53 durante os últimos dias de gestação. Esses resultados ressaltam a importância de intervenção por parte dos criadores para pelo menos tentar aliviar o estresse térmico durante o período gestacional. Além disso, torna-se justificável a avaliação e identificação de animais geneticamente mais tolerantes ao estresse térmico para características de crescimento em bovinos de corte compostos criados nas condições brasileiras.

Palavras-chave: estresse calórico; gado de corte; índice de temperatura e umidade.

Agradecimentos: Ao Programa Composto Tropical Montana e INMET/BDMEP pela cessão dos dados.



RELAÇÃO ENTRE CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL E TAMANHO CORPORAL DE TOUROS JOVENS DA RAÇA NELORE

Ana Carolina de Jesus Oliveira¹; Alejandro Barrera Carvajal¹ Mariana Mundim Alves Gomes²; Aline Maria Soares Ferreira²; Danísio Prado Munari¹; Carina Ubirajara de Faria²;

¹Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal- SP, Brasil. ²Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia – MG, Brasil *ana.j.oliveira@unesp.br

Considerando que a alimentação representa grande impacto no custo de produção de carne bovina, a mensuração do consumo alimentar residual (CAR) é de suma importância pois permite identificar animais eficientes na utilização dos insumos para posterior estudo de estimação de parâmetros genéticos. As possíveis associações entre CAR e demais características de importância econômica também são relevantes. Objetivou-se saber qual a associação entre tamanho corporal, ingestão de matéria seca (IMS) e CAR avaliados em touros jovens da raça Nelore. Essas características foram mensuradas em 171 touros jovens da raça Nelore, participantes de Provas de Eficiência Alimentar realizadas na fazenda experimental da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), utilizando sistema de cochos eletrônicos Growsafe. Também foram mensuradas a altura de posterior (ALTP), assim como calculados os frames escores utilizando as equações de BIF (2002) (FR1) e Horimoto (2005) (FR2). Para a verificação da influência do CAR e da IMS nas características de ALTP, FR1 e FR2 foram elaboradas classes baixo, médio e alto para CAR e IMS. Os resultados obtidos neste trabalho demonstraram que não houve diferença estatística ($p > 0,05$) entre as classes de CAR para ALTP, FR1, FR2, justificado pelo fato de que o cálculo de CAR leva em conta o ajuste para peso e ganho em peso, sendo independente do crescimento e dos padrões de maturidade. As classes de IMS influenciaram significativamente ($p < 0,05$) ALT e FR2, dado que IMS não considera ajuste para peso corporal, que é influenciado pelo consumo alimentar. Desde que o cálculo de FR2 considera o peso corporal, demonstrou-se sua melhor adequação para os dados utilizados. Se diferentes classes de CAR não estão relacionadas com FR1, FR2 e ALTP, animais eficientes na utilização de insumos (CAR negativo) não terão o tamanho adulto alterado.

Palavras-chave: eficiência alimentar; frame; consumo alimentar residual.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, processo 02/2018).



COMPOSIÇÃO MINERALÓGICA DO MEL DE TIÚBA (*MELIPONA FASCICULATA* SMITH) EM UMA MINERADORA

Jonas Alves Mesquita¹; Gabriel Garcês Santos²; Thailson de Jesus Santos Silva²; Luana Correa Silva²; Phelipe Silva de Araújo²; André de Sena Rodrigues²; José de Ribamar Silva Barros^{3*}

¹Universidade Estadual Paulista. ²Universidade Estadual do Maranhão. ³Universidade Estadual do Maranhão. *j.mesquita@unesp.br

O mel produzido pelas abelhas nativas, comumente chamadas de abelhas sem ferrão (ASF), possui características físico-químicas diferenciadas, como por exemplo o mel produzido por *Melipona fasciculata*, a Tiúba. Essa diferenciação pode ser devido a flora utilizada assim como pelos hábitos de cada abelha, o que pode influenciar também a qualidade sanitária do produto. Logo o objetivo deste trabalho foi avaliar a composição de minerais no mel desta espécie e verificar a influência da área de mineração na composição. As amostras são oriundas de um meliponário localizado em uma mineradora na ilha de São Luís, Maranhão, com um total de 10 colmeias de Tiúba, *Melipona fasciculata*. As amostras foram coletadas em dois momentos, o primeiro em outubro de 2017 e o segundo em agosto de 2018. Para a determinação dos minerais foi empregado o método da digestão ácida e a leitura foi realizada pela técnica de Espectrometria de Absorção Atômica de Chama (EAA). Toda a vidraria utilizada foi colocada em uma solução de HNO₃ a 10% durante 24 horas para descontaminação antes do preparo das amostras. Foi identificado níquel (1,0 mg.Kg⁻¹) nas amostras de mel e no pólen, e segundo o Decreto 55871/65, última legislação a falar sobre o elemento, a presença deste metal não pode ultrapassar 5,0 µg.g⁻¹ ou 50 mg.Kg⁻¹, logo este metal está abaixo do que o decreto estabelece como padrão. Na análise do conteúdo mineral o elemento que apareceu em maior quantidade foi o Mg, tanto no mel como no pólen de Tiúba, onde foi maior a concentração 554,1 mg.Kg⁻¹. Os elementos de menor concentração foram Ni (1,0 mg.Kg⁻¹), Na (19,12 mg.Kg⁻¹), Ca (44,47 mg.Kg⁻¹) e Cu (39,67 mg.Kg⁻¹). Os de maior concentração foram Mg (168,2 mg.Kg⁻¹), Fe (108,71 mg.Kg⁻¹) e Zn (69,48 mg.Kg⁻¹). Os níveis observados de Fe estão acima do descrito na literatura e da última legislação que tratava do elemento. Os níveis de Zn mesmo altos, quando comparados com outros trabalhos, estão dentro do padrão que a legislação estabelece. A análise do conteúdo mineral revelou Ni presente no mel e no pólen, o que representa risco à saúde mesmo humana. O elemento de maior destaque foi o Mg, seguido do Fe, este último em concentrações elevadas indicando contaminação por particulado aéreo.

Palavras-chave: Níquel; Padrão; Particulado aéreo.



ETNOCONHECIMENTO DA COMUNIDADE ESCOLAR CIRCUNVIZINHA DA UNIVERSIDADE ESTADUAL DO MARANHÃO SOBRE ABELHAS NATIVAS

Thailson de Jesus Santos Silva¹; Jonas Alves Mesquita²; Gabriel Garcês Santos²; André de Sena Rodrigues³; Luna Correa Silva³; Gustavo Lucas Bezerra Tinoco³; Phelipe Silva de Araújo³; José de Ribamar Silva Barros^{3*}

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Estadual Paulista. ³Universidade Estadual do Maranhão. *thailsonss02@gmail.com

Com a expansão das áreas de agrícolas e a intensificação desse processo a ameaça a biodiversidade e os serviços ecossistêmicos, inclusive a polinização vem aumentando bastante. Nos últimos anos tem se verificado reduções no número de espécies de polinizadores e nos serviços de polinização em diferentes regiões do globo. Uma das formas de dirimir este problema é a capacitação e formação de pessoas sobre o assunto durante a vida escolar, pois a possibilidade de ver e aprender com esses insetos pode despertar uma consciência ecológica e de preservação ambiental. Logo este trabalho teve por objetivo realizar palestras e sensibilizar alunos da rede pública do ensino médio, próxima a Universidade Estadual do Maranhão, em São Luís, sobre a importância socioambiental das abelhas nativas. Ao todo foram 269 alunos foram conscientizados pelo trabalho, e destes, 91 responderam ao questionário de avaliação. A maior parte dos alunos (57%) não conheciam as abelhas nativas ou abelhas sem ferrão (ASF), relataram que já tinham visto ninhos mais não sabiam que eram abelhas. A maior parte dos alunos, 91%, afirmou consumir mel pelo menos uma vez por mês e 60% afirmaram consumir algum outro produto além do mel. Um ponto muito interessante observado no decorrer do trabalho foi que a maioria dos estudantes consideravam que a maior contribuição das abelhas era a polinização e não a produção de mel. Os três assuntos que mais chamaram a atenção dos alunos foi conhecer novas espécies de abelhas (41%), vida e sistema de castas (29%) e sua importância ambiental (10,9%). a maioria não conseguiu relacionar a criação de abelhas sem ferrão, meliponicultura, com nenhuma atividade geradora de renda. Quando instigados sobre a possível utilização das abelhas em atividade econômica, 20 estudantes (21,9%) responderam ver na produção de mel a possibilidade de geração de renda, e 7 estudantes (7,69%) na produção de colmeias. Mesmo que a maioria dos alunos não tenham associado no momento a criação de ASF com algum ganho econômico, as capacitações teóricas e práticas ministradas são importantes para aliar o conhecimento adquirido com as experiências vividas. No geral os alunos demonstraram curiosidade sobre todos os temas abordados com melíponas, muitos não sabendo sobre a existência de abelhas sem ferrão, nem sobre a possibilidade da utilização destes organismos como fonte de renda.

Palavras-chave: Polinização; Biodiversidade; Preservação.

Agradecimentos: Ao Laboratório de Genética e Biologia Molecular – LABWICK e a Universidade Estadual do Maranhão.



Recursos Genéticos Animais

2- Caracterização genética e fenotípica



EFEITOS DO ESTRESSE CALÓRICO SOBRE A PRODUÇÃO DE LEITE DE BÚFALAS LEITEIRAS NO BRASIL

Gabriela Stefani^{1*}; Mário Luiz Santana Júnior²; Lenira El Faro³; Humberto Tonhati¹

¹Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Jaboticabal, Brasil.

²Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso, Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas – UFMT, Rondonópolis, Brasil. ³Instituto de Zootecnia, Centro de Pesquisas de Bovinos de Corte, Sertãozinho, Brasil. *gabriela.stefani@gmail.com.

Búfalos são animais reconhecidamente rústicos e bem adaptados à climas tropicais adversos. No entanto, há relatos na literatura de que esses animais mostram sinais de sofrimento quando expostos à elevadas temperaturas e radiação solar. Apesar de ser um assunto importante, o efeito do estresse calórico sobre a produção de leite em bubalinos nunca foi estudado no Brasil. Desta forma, estudamos 53.113 produções de leite no dia do controle de 3.179 primeiras lactações de búfalas leiteiras, coletadas entre 1987 e 2018, pertencentes a 6 rebanhos (RN, SP e CE). As variáveis climáticas foram combinadas em um índice de temperatura e umidade (THI), fornecidas pelo INMET. Um modelo misto (efeitos fixos: grupo de contemporâneas, frequência de ordenha, dias em lactação (DEL), idade ao parto (IP) e THI); efeito aleatório: animal) foi usado para mostrar o padrão de resposta da produção de leite em função dos valores de THI e para estimar as médias dos mínimos quadrados (LSM). O efeito mais prejudicial do THI sobre a produção de leite foi observado nos estágios intermediários da lactação, após o pico da produção de leite, nos DEL 105-154 e 155-204 dias ($-0,002$ e $-0,014\text{kg/dia}$ por THI, respectivamente). Os mínimos quadrados (LSM) da produção de leite destes dois estágios de DEL foram usados em um modelo de regressão linear por partes para identificar um limiar de estresse calórico. Uma redução importante na produção de leite devido ao estresse calórico foi observada para os valores de THI acima do limite de 76,8 ($-0,26\text{kg/dia}$ por aumento de 1 unidade de THI). Esse resultado indica que os búfalos apresentam grande aptidão às condições quente-úmidas, com THI crítico superior ao de gado leiteiro. Porém, podemos concluir que seu desempenho produtivo é suscetível ao estresse térmico, levando a um declínio da produtividade do leite quando exposto ao um THI acima do nível limite. Para melhor ilustrar a magnitude deste resultado, um suposto animal com produção de leite igual à média da população estudada, em estágio intermediário da lactação e sob THI 82 pode ter sua produção de leite reduzida em 1,36kg/dia ou 25% devido exclusivamente ao estresse calórico. Além disso, 49% dos registros de produção de leite deste estudo estavam dentro da zona de estresse (THI 76,8 a 82).

Palavras-chave: Búfalos; produção de leite; índice de temperatura e umidade.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos do curso de doutorado.



GENÉTICA DA TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO NA PRODUÇÃO DE LEITE EM BÚFALOS LEITEIROS AVALIADA POR UM MODELO DE NORMA DE REAÇÃO

Gabriela Stefani^{1*}; Mário Luiz Santana Júnior²; Lenira El Faro³; Humberto Tonhati¹

¹Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Jaboticabal, Brasil.

²Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso, Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas – UFMT, Rondonópolis, Brasil. ³Instituto de Zootecnia, Centro de Pesquisas de Bovinos de Corte, Sertãozinho, Brasil. *gabriela.stefani@gmail.com.

Búfalos leiteiros no Brasil são criados predominantemente a pasto e em clima tropical adverso. A identificação e seleção de animais geneticamente tolerantes ao calor permite manter a alta produtividade e capacidade de sobrevivência quando expostos a condições de estresse calórico. No entanto, não existem no mundo todo estudos que tenham estimado os parâmetros genéticos da produção de leite em resposta ao estresse térmico para búfalos leiteiros. Desta forma, estudamos 53.113 produções de leite no dia do controle de 3.179 primeiras lactações de búfalas leiteiras, coletadas entre 1987 e 2018, pertencentes a 6 rebanhos (RN, SP e CE). As variáveis climáticas foram combinadas em um índice de temperatura e umidade (THI), fornecidas pelo INMET. Uma análise usando modelo animal unicaracterística de regressão aleatória foi realizada para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para produção de leite sobre os valores de THI e dias em lactação (DEL). Foi observada uma heterogeneidade nos componentes de (co)variância genética ao longo da escala THI, indicando um efeito importante de interação genótipo-ambiente ($G \times E$) devido ao estresse térmico na produção de leite. As estimativas de herdabilidade foram baixas (0,01 a 0,17), mas as mais altas foram obtidas para THI mais baixos e baixo DEL, indicando que as maiores respostas à seleção podem ser esperadas para a zona de conforto térmico e no início da lactação. Correlações genéticas próximas de zero foram encontradas entre produções de leite dos extremos opostos da escala THI. A tendência do nível geral de produção dos animais (intercepto da norma de reação) foi de 0,02 kg/ano ($P < 0,001$), e a da capacidade específica de responder ao estresse térmico (inclinação da norma de reação) foi de $-0,001 \text{ kg/ano}$ ($P < 0,004$), indicando que a seleção para aumentar a produção de leite foi pequena e afetou pouco a resistência ao estresse calórico, o que condiz com a correlação genética entre intercepto e inclinação ($0,085 \pm 0,157$). A variação genética para a inclinação indica possibilidade de resposta à seleção para resistência ao estresse calórico. A razão entre variâncias genéticas da inclinação e intercepto das normas de reação foi de 0,135, indicando a magnitude da $G \times E$.

Palavras-chave: Búfalos; produção de leite; interação genótipo-ambiente.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos do curso de doutorado.



POTENCIAL PRODUTIVO DE CORDEIROS NATIVOS ASSOCIADO ÀS CARACTERÍSTICAS DA CARCAÇA E CARNE

Wilder Ortiz Vega^{1*}; Alan Chaves Paiva¹; Samuel Melo Costa¹ Genilson Cesar Alves¹; Hélio Araújo Costa¹; Aline Vieira Landim¹

¹Universidade Estadual Vale do Acaraú. *E-mail: (wilder_hernando@uvanet.br).

Raças como a Morada Nova (MN), Rabo Largo (RL) e Santa Inês (SI) possuem morfologia particular, no entanto sua diferenciação a partir das características de carcaça indicará o potencial produtivo de cada raça na produção de carne. Objetivou-se diferenciar cordeiros oriundos de cruzamento recíproco entre raças nativas a partir das suas características de carcaça, utilizando a análise discriminante canônica (ADC). Foram utilizados 30 cordeiros desmamados (85 ± 6 dias), machos e fêmeas, oriundos dos acasalamentos-cruzamentos: MN $\times$ MN (MN; n=10), RL $\times$ MN (RBF1; n=10) e SI $\times$ MN (SIF1; n=10), utilizando como linha materna a raça MN. Os cordeiros foram terminados em pasto nativo e suplementados com capim Canarana erecta lisa (*Echinochloa sp*), concentrado conforme a fase de crescimento e água e sal mineral à vontade. O peso médio ao abate foi de $24,01 \pm 3,71$ Kg. Para a ADC as características foram agrupadas em: **1.** Desempenho: ganho de peso médio diário (GPMD), ganho de peso total (GPT), peso do corpo vazio (PCV), pesos e rendimento da carcaça quente (PCQ e RCQ), da carcaça fria (PCF e RCF) e rendimento biológico verdadeiro (RBV); **2.** de músculo e carcaça: área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), conformação e acabamento; **3.** morfologia de carcaça: perímetro torácico (PT), comprimento do corpo (CC), perímetro e comprimento do pernil (PP e CP) e perímetro de membros anteriores e posteriores (PMA e PMP); **4.** cortes comerciais: rendimentos do serrote, pernil, costela, lombo, paleta e pescoço; **5.** características físico-químicas: umidade, proteína bruta, lipídios, cinzas, colesterol, força de cisalhamento e capacidade de retenção de água. A estatística Lambda de Wilks e o valor dos coeficientes canônicos estruturais padronizados das características determinaram a significância ($P < 0,05$) e escolha da variável mais representativa, respectivamente. O acabamento (2,8 em escala 1-5) permitiu classificar corretamente 100% dos animais RBF1 no seu grupo de origem, ($P < 0,001$). O PMA (média de 148cm) permitiu que 90% dos animais SIF1 fossem corretamente classificados ($P < 0,001$). Nos animais MN as características físico-químicas (colesterol; 56,1 mg/100g), e lipídios (1,9%), foram as principais discriminantes (81,8% dos animais corretamente classificados), ($P < 0,001$). É possível classificar animais das raças nativas avaliadas neste estudo através das suas características de carcaça. Programas de melhoramento genético podem ser direcionados a partir do conhecimento das potencialidades produtivas identificadas em cada um dos recursos genéticos avaliados.

Palavras-chave: Morada Nova; Rabo largo; Santa Inês

Agradecimentos: FUNCAP, CAPES, CNPq.



ANÁLISE DE HERANÇA MUTACIONAL DE GALINHAS FRISADAS O MEIO-NORTE DO BRASIL

Maurício Sérgio Ferreira Soares da Silva Júnior¹, Alberto Alexandre dos Santos², Fábio Barros Britto¹, Teresa Herr Viola³, Adriana Mello de Araújo³

¹Mestrando em Genética e Melhoramento, UFPI. Email:mauriciobuther@gmail.com,

²Mestrando em Ciência Animal, UFPI, ³Pesquisadora da Embrapa Meio-Norte

A avicultura é uma atividade com relevância para geração de renda na região Nordeste, com participação direta do produtor rural. Na sub-região Meio-Norte do Nordeste brasileiro é relatado a presença de galinhas designadas “arrepiaadas”, de penas frisadas, que se caracterizam por apresentar uma desorientação no ângulo de inserção dos raques no auge central da pena. A presença de penas frisadas é relatada na literatura como fruto uma mutação no gene da α -queratina (*KRT75*), A mutação (F) foi associada a uma deleção numa região conservada do gene e tem sido alvo de estudos ligados à adaptação ao calor intenso. A pesquisa da Embrapa Meio-Norte, localizada em Teresina-PI, foi realizada em aves “arrepiaadas” resgatadas na região de Queimada-Nova (PI), e Chapadinha (MA). Os indivíduos F₀ foram acasalados, sendo 1 (um) macho frisado (F₋) para 3 (três) fêmeas matrizes frisadas (F₋) gerando 8 (oito) descendentes juvenis (F₁). Foram medidos parâmetros morfológicos-quantitativos de 12 aves. Para a análise, utilizou-se 19 descritores, foram eles: Altura da Crista (mm), diâmetro do pescoço (mm), diâmetro do bico (mm), comprimento do bico (mm), diâmetro da cauda (mm), comprimento da cauda (mm), perímetro torácico (cm), perímetro abdominal (cm), comprimento do corpo (cm), diâmetro da coxa (mm), comprimento da coxa (mm), diâmetro da sobrecoxa (mm), comprimento da sobrecoxa (mm), diâmetro do metatarso (mm), comprimento do metatarso (mm), comprimento da asa (cm), comprimento da tulipa (cm), diâmetro da tulipa (mm) e peso (kg). Para realizar as medidas, utilizou-se um paquímetro digital, e uma balança digital foi utilizada para pesar as aves. Do cruzamento realizado, obteve-se 3 machos e 5 fêmeas, totalizando 8 (oito) aves frisadas de segunda geração (F₋), sendo está proporção de segregação um indicativo de homozigose em um dos progenitores. De acordo com avaliação visual individual da conformação das penas, o galo demonstra frizzle compatível com o padrão homozigoto (FF), tornando a proporção de progênies frisadas o esperado para o produto de parentais dominantes que expressam a característica *frizzle*, comprovando a herança de dominância incompleta, sendo possível observar pelo padrão fenotípico os descendentes homozigotos (FF) e heterozigotos (Ff), através da intensidade visual do *frizzle*. Dos parâmetros morfológicos, destaca-se na F₁, o perímetro torácico com média de 28,4 cm, perímetro abdominal com 33,35 cm, diâmetro da coxa, 26,6 mm, e comprimento do corpo com média de 42 cm, um padrão elevado para aves caipiras ainda juvenis. Considerando a ausência de estudos sobre essa variedade na Região, a elucidação da herança mutacional do padrão *frizzle* é de extrema importância para a exploração dessa característica, visto que o fenótipo é vantajoso para climas tropicais, e potencialmente mais produtivo em estresse térmico.

Palavras-chave: *Frizzle*; Mutação; Adaptação, *Gallus gallus*

Agradecimentos: Agradecemos à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Universidade Federal do Piauí (UFPI) e à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) pelo apoio financeiro, técnico e intelectual.



DESCRITORES MORFOLÓGICOS DE GALINHAS DA SUB-REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL

Alberto Alexandre de Sousa Borges^{1*}; Maurício Sérgio Ferreira Soares da Silva Júnior¹; Raiane de Sousa Oliveira¹; Mônica Corrêa Ledur²; Marcos Jacob de Oliveira Almeida³; Adriana Mello de Araújo³

¹Universidade Federal do Piauí – UFPI. ²Embrapa Suínos e Aves, Concórdia - SC.

³Embrapa Meio-Norte, Teresina - PI. *aalexandresb@gmail.com

A carne de galinha é a principal fonte de proteína animal para as populações que residem em localidades rurais, o que eleva a importância de pesquisas relacionadas aos recursos genéticos e diversidade dessas aves. Com essa finalidade, a Embrapa Meio-Norte (Teresina-PI) vem trabalhando na formação de um núcleo de conservação *in situ* de aves da sub-região Meio-Norte do Brasil (Maranhão e Piauí). O objetivo da pesquisa foi descrever fenotipicamente alguns tipos de galinhas encontradas em diferentes localidades da sub-região Meio-Norte do Brasil, por meio de descritores morfológicos. As aves foram separadas de acordo com 6 grupos estabelecidos pela localização geográfica: Chapadinha (CH Maranhão), Itapecuru (IT Maranhão), Paulistana (PL Piauí), Canela-Preta (CP Piauí), Arrepiada (AR Maranhão) e Brejo (BJ Maranhão). Em cada baía amostral um (01) macho foi alocado em reprodução com 4-6 fêmeas. Os ovos são coletados diariamente e separados por grupo para a formação de gerações. Foram medidos parâmetros morfológicos-quantitativos das 37 aves, com idade média de 78 semanas. Para a análise, utilizou-se 19 descritores, foram eles: Altura da crista (mm), diâmetro do pescoço (mm), diâmetro do bico (mm), comprimento do bico (mm), diâmetro da cauda (mm), comprimento da cauda (mm), perímetro torácico (cm), perímetro abdominal (cm), comprimento do corpo (cm), diâmetro da coxa (mm), comprimento da coxa (mm), diâmetro da sobrecoxa (mm), comprimento da sobrecoxa (mm), diâmetro do metatarso (mm), comprimento do metatarso (mm), comprimento da asa (cm), comprimento da tulipa (cm), diâmetro da tulipa (mm) e peso (kg). Para realizar as medidas, utilizou-se um paquímetro digital, e uma balança digital foi utilizada para pesar as aves. Dos 6 grupos analisados, o grupo CP obteve maior peso (2,277 kg), seguido pelo grupo CH (2,026kg). Em relação ao perímetro torácico, descritor morfológico relacionado ao corte do peito, o grupo CP também obteve maior média (31,14mm), seguido pelo grupo IT (30,66mm). Com relação ao diâmetro da coxa, o grupo CP obteve média superior em relação aos demais grupos (29,98mm), seguido pelo grupo PL (29,67mm). Os descritores utilizados são de extrema importância para caracterização das aves, auxiliando nos estudos de diversidade genética, assim como indicam resultados que permitem a seleção de indivíduos para melhoramento.

PALAVRAS-CHAVE: Morfologia; *Gallus gallus*; Recursos Genéticos.

Autorização: CEUA Embrapa Meio-Norte 002/206.

Agradecimentos: À Embrapa, por disponibilizar os animais da pesquisa. À CAPES, pela concessão da bolsa de mestrado.



CORRIDAS DE HOMOZIGOSE DE SEIS RAÇAS BOVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS NO BRASIL

Tânia Fernandes Martins^{1*}; Lucas Lima Verardo¹; João Cláudio do Carmo Panetto², Pamela Itajara Otto ²; Andréa Alves do Egito³; Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva²

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri *taniafernandeszootecnia@gmail.com. ²Embrapa Gado de Leite - Rua Eugênio do Nascimento, 610 - Dom Bosco, Juiz de Fora – MG, 36038-330. ³Embrapa Gado de Corte, Av. Rádio Maia, 830 - Vila Popular, Campo Grande - MS, 79106-550

As corridas em homozigose (ROHs) são segmentos de homozigotos identificáveis por meio de marcadores moleculares do tipo SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único), que fornecem informações importantes sobre o histórico populacional e os sistemas de acasalamento. Assim, objetivou-se com este trabalho, avaliar as ROH entre as populações de seis raças de bovinos localmente adaptadas no Brasil. As amostras foram obtidas de rebanhos brasileiros e do banco de DNA da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Foram utilizadas 281 amostras de DNA de bovinos de rebanhos comerciais brasileiros provenientes das raças Caracu Caldeano (n=55), Caracu (n=24), Crioulo Lageano de Santa Catarina (n=62), Curraleiro Pé-Duro (n= 17), Crioulo Lageano do Rio Grande do Sul (n=54), Mocho Nacional (n=20) e Pantaneiro (n=49), genotipadas com os chips da BovineHD Genotyping BeadChip® e BovineSNP50 v2 BeadChip®. Para a obtenção das ROH de cada população, foi utilizado o software PLINK v1.06 com os seguintes parâmetros: *minimum window length* de 120 SNPs, *maximum gap size between two SNPs* de 1000 kb, *minimum ROH length* de 1000 kb, *minimum number of potential marked SNPs* de 50, um heterozigoto permitido por janela, máximo de 5 *missing calls* por janela, *sliding window length* de 50 SNPs e proporção de janelas sobrepostas que devem estar em homozigose > 0.05. O padrão de ROH diferiu entre as raças. A raça Curraleiro Pé-Duro apresentou a maior porcentagem de longas ROH (> 31Mb; > 10%), enquanto a raça Pantaneiro apresentou os maiores percentuais de ROH curtas (<5Mb; > 60%). A extensão e frequência de ROH podem fornecer informações importantes sobre uma população, como a ocorrência de endogamia, que pode ser inferida pela presença de longas ROH indicando endogamia recente. Para raças com longas ROH como o Curraleiro Pé-Duro, faz-se necessário atenção especial nos esquemas de acasalamento, com o objetivo de evitar possíveis problemas em função da depressão endogâmica e minimizar o risco de possíveis problemas em características de importância econômica, principalmente naquelas ligadas à adaptabilidade e à fertilidade.

Palavras-chave: Acasalamentos, Corrida de homozigose; SNP.

Agradecimentos: CAPES - Código de Financiamento 001; FAPEMIG (APQ-01834-18); UFVJM e EMBRAPA.



PADRONIZAÇÃO E VALIDAÇÃO DE PROTOCOLO PARA DNA BARCODING DE ÁCAROS (ARACHNIDA)

Gustavo Henrique Ferrero Klabunde¹; Adriana Pereira¹; Ildelbrando Nora^{1,2}

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI, Estação Experimental de Itajaí. *E-mail: gustavoklabunde@epagri.sc.gov.br; ²In memorian.

A correta identificação de ácaros, predadores e pragas, é de extrema importância para a aplicação eficaz dos ácaros predadores como recurso genético e alternativa visando o controle biológico de ácaros-praga em diversas culturas. Em determinadas situações, o uso de caracteres morfológicos é insuficiente para a identificação taxonômica de ácaros. O emprego da técnica de *DNA barcoding*, baseada no gene mitocondrial Citocromo oxidase, sub-unidade 1 (CO1), permite a identificação precisa das espécies, em complemento aos caracteres morfológicos. Este trabalho objetivou padronizar um protocolo econômico e eficaz de isolamento de DNA e posterior amplificação, sequenciamento do gene CO1 e validação da técnica de *DNA barcoding* em amostras de ácaro rajado (*Tetranychus urticae*). Foram aplicados quatro métodos distintos de obtenção dos ácaros para isolamento de DNA, sendo: (I) Ácaros estocados em álcool 70%, filtrados em filtro de gramatura 80g/m² e coletados úmidos; (II) Ácaros estocados em álcool 70%, filtrados em filtro de gramatura 80g/m² e coletados secos *overnight*; (III) Ácaros estocados em álcool 70%, filtrados em membrana em bomba de vácuo e coletados secos; (IV) Ácaros coletados vivos e acondicionados diretamente em tampão de extração. Nos métodos, I, II e III as amostras foram lavadas 5 vezes em água ultra pura antes das filtrações. O método *in house* de isolamento de DNA testado foi baseado em proteinase K, alta concentração salina e SDS. O DNA total das extrações foi quantificado via espectrofotometria. Os métodos I e II apresentaram ótima quantidade de DNA isolado, sendo 229 e 682 ng/μl, respectivamente. Já os métodos III e IV apresentaram baixas concentrações de DNA total, sendo 3 e 2 ng/μl, respectivamente. O gene mitocondrial Citocromo oxidase, sub-unidade 1 teve sua região parcial amplificada via PCR com o uso dos iniciadores Lep1F e Lep1R. - A banda alvo de 653 pb amplificou em todos os métodos com exceção do método III. Os produtos de PCR foram purificados e sequenciados bidirecionalmente via eletroforese capilar na plataforma ABI 3500. Os eletroferogramas foram analisados e a sequência consenso final foi submetida a uma análise de BLASTn na plataforma NCBI. O resultado da análise de BLASTn para todas as amostras retornou *Tetranychus urticae* como resultado, com 100% de identidade e *E-value* de zero. Os resultados indicam os métodos I e II como ideais para o isolamento de DNA de ácaro para posterior amplificação e sequenciamento da região *barcode*.

Palavras-chave: Acari; Barcode Index Number; CO1.

Agradecimentos: FAPESC – Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina.



VIAS BIOLÓGICAS ASSOCIADAS COM OCORRÊNCIA DE PARTO PRECOCE EM NOVILHAS DA RAÇA NELORE

Ana Paula Sbardella¹; Priscila Arrigucci Bernardes²; Rebeka Magalhães da Costa¹; Raysildo Barbosa Lôbo³; Fernando Baldi¹; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Estadual Paulista – Júlio de Mesquita – UNESP/FCAV – Jaboticabal.

²Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC. ³Universidade de São Paulo – USP/FMRP Ribeirão Preto. *Autor correspondente: paulasbardella@gmail.com

Regiões genômicas associadas com a característica ocorrência de parto precoce (P30) permitem melhor entendimento da variabilidade genética da mesma, assim, essa informação pode ser aplicada em programas de melhoramento visando acelerar o ganho genético. O objetivo desse estudo foi avaliar a associação entre polimorfismos de base única (SNP) com P30 para identificar genes candidatos e vias biológicas associadas em bovinos da raça Nelore. Os dados consistem em pedigree, fenótipo e genótipo de bovinos Nelore, disponibilizados pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). A análise de associação foi realizada utilizando o método de passo único ponderado (WssGWAS), sob modelo de limiar. As regiões que consistiam em 10 SNP consecutivos e que explicavam mais do que 0,5% da variância genética aditiva, foram consideradas com associação significativa. Um total de 25 regiões genômicas foram associadas com P30. Essas regiões contemplam 580 genes, sendo 434 genes conhecidos e 146 desconhecidos. Os genes enriqueceram 22 termos ($p \leq 0,05$) tais como alfa-oxidação de ácidos graxos, regulação negativa da diferenciação de adipócitos e resposta imune inata. A via de alfa-oxidação de ácidos graxos degrada ácidos graxos ramificados com metilo, que não são degradados pela via normal de degradação, enquanto a via de regulação negativa da diferenciação de adipócitos está envolvida em processos que inibem a diferenciação de adipócitos. A seleção favorável a alelos que inibem a degradação de ácidos graxos ramificados em 3-metil e que favorecem a diferenciação de adipócitos poderia resultar em maior deposição de gordura nesses animais, que seriam sexualmente precoces, ou seja, com maior P30. Processos imunes podem interferir na performance reprodutiva dos animais, uma vez que as condições sanitárias são primordiais para fertilidade de novilhas. Os genes HAO1 e PHYH, enriquecidos na via alfa-oxidação de ácidos graxos e os genes E2F1, GATA3, ASXL1 e TRIB3, enriquecidos na via de regulação negativa da diferenciação de adipócitos, podem contribuir com futuros estudos de validação e ser usados como genes candidatos em programas de melhoramento genético de bovinos da raça Nelore.

Palavras-chave: associação ampla do genoma; *Bos taurus indicus*; precocidade sexual

Agradecimentos: À ANCP pela concessão dos dados e à CAPES e CNPq pela concessão de bolsas de estudo e de pesquisa.



GENES CANDIDATOS À SELEÇÃO IDENTIFICADOS EM ASSOCIAÇÃO COM “STAYABILITY” EM FÊMEAS DA RAÇA NELORE

Ana Paula Sbardella^{1*}; Priscila Arrigucci Bernardes²; Rafael Nakamura Watanabe¹; Raysildo Barbosa Lôbo³; Fernando Baldi¹; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Estadual Paulista – Júlio de Mesquita – UNESP/FCAV – Jaboticabal

²Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC. ³Universidade de São Paulo – USP/FMRP Ribeirão Preto. *Autor correspondente: paulasbardella@gmail.com

A informação genômica vem sendo aplicada como importante ferramenta em programas de melhoramento genético animal. Desta maneira, pode contribuir para melhorar o desempenho reprodutivo dos animais visando atender à crescente demanda por carne bovina. Este trabalho tem como objetivo identificar a associação entre polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) com a característica de habilidade de permanência da vaca no rebanho (“Stayability” - STAY) a fim de detectar genes candidatos e vias biológicas associadas à esta característica em bovinos de corte da raça Nelore. Os dados fenotípicos, de pedigree e genotípicos utilizados foram disponibilizados pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. Os dados genotípicos são oriundos de 8.652 animais, genotipados ou imputados para painéis de marcadores SNP em alta densidade (Illumina Bovine HD BeadChip) e dados fenotípicos de 12.981 animais. Estes dados foram utilizados para o estudo de associação genômica ampla (GWAS). O GWAS em passo único ponderado (WssGWAS) foi utilizado para estimação dos efeitos dos SNP sobre STAY, utilizando modelo de limiar. As plataformas Ensembl e David foram utilizadas para investigação de genes e análise funcional. Um total de 52 genes foram encontrados nas 12 regiões associadas com STAY, dos quais, 37 são genes conhecidos e 15, ainda não conhecidos. A análise de função biológica enriqueceu ($p \leq 0,05$) 6 termos, entre os quais a via de sinalização de esfingolipídios. Vias lipídicas, de sinalização de esfingolipídios e seus produtos metabólicos interferem na capacidade de acumular gordura, ativam fatores de crescimento e de sobrevivência. Desta forma, estes genes podem ter efeitos positivos na maturidade e precocidade sexual, reconcepção e longevidade das fêmeas. Os genes CAMK1D e TASP1 identificados nas regiões associadas com STAY, embora não tenham enriquecido em processos biológicos, também apresentam funções importantes na reconcepção de novilhas, idade ao primeiro parto e fertilidade de novilhas Nelore. A identificação dos genes associados com STAY, bem como do processo biológico enriquecido, podem contribuir com futuros estudos de validação biológica e podem ser usados como genes candidatos em programas de melhoramento genético de animais da raça Nelore.

Palavras chave: bovinos de corte; associação ampla do genoma; STAY

Agradecimentos: À ANCP pela concessão dos dados e à CAPES e CNPq pela concessão de bolsas de estudo e de pesquisa.



TERMOGRAFIA INFRAVERMELHA NA AVALIAÇÃO DO ESTRESSE TÉRMICO EM BOVINOS DE CORTE

Natalya G. Abduch^{1*}; Luana L. Souza²; Rogério R. Vicentini³;
Ana Cláudia de Freitas¹; Lenira El Faro¹; Claudia C. P. Paz¹; Nedenia B. Stafuzza¹

¹Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP. ³Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, MG.

*natalyaveterinaria@gmail.com

A raça Caracu formou-se no Brasil através de cruzamentos não controlados entre bovinos europeus e passou por mais de 500 anos de intenso processo de seleção natural. Sua preservação em rebanhos puros é importante, pois genótipos nativos podem se tornar mais produtivos em seus ambientes do que raças exóticas. Neste contexto, diversas ferramentas vêm sendo utilizadas na avaliação da produtividade e adaptabilidade dos rebanhos, como a termografia infravermelha (TIV). O objetivo desse estudo foi detectar a melhor região do corpo do animal para a identificação de estresse térmico por meio de TIV. A câmera termográfica FLIR TB420X foi utilizada para obtenção de medidas termográficas de quatro regiões do corpo de cada um dos 91 animais (43 fêmeas e 48 machos). As temperaturas máximas de cada região medidas pela TIV foram obtidas pelo software Research IR 4 (FLIR Systems). Foram traçados os seguintes campos de medição nas imagens: 1) lado direito: região superior e região inferior; 2) focinho: espelho nasal e região superior; 3) lombo: região esquerda, região superior e região direita; 4) olho direito: globo ocular e carúncula lacrimal. Para a colheita da temperatura retal foi utilizado termômetro clínico veterinário. Os animais também foram classificados quanto à coloração da pele (clara ou escura) e do pelame (baio, laranja ou vermelho). Foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson (PROC CORR do SAS®) para as características analisadas. Dentre todas as regiões medidas, o campo de análise da região inferior do lado direito apresentou maior correlação ($P < 0,001$) com a temperatura retal em machos (0,911) e fêmeas (0,898). Embora as regiões da cabeça e testa apresentem maior correlação com a temperatura retal segundo a literatura, o presente estudo identificou que em bovinos Caracu a melhor região é a lateral inferior, o que pode ser atribuído à influência da cor da pele e pelame desses animais. Diante da dificuldade em manter a produtividade e promover o bem-estar em um clima tropical, o conhecimento da resposta de diferentes raças ao estresse térmico é importante para o desenvolvimento de estratégias. Nesse contexto, a TIV é uma ferramenta promissora por ser uma técnica não invasiva, rápida, precisa e que pode ser utilizada para verificar a temperatura e detectar efetivamente o estresse térmico dos animais.

Palavras-chave: Caracu; correlação; termotolerância.

Agradecimentos: FAPESP (18/19216-7, 20/03699-9 e 19/10438-0) e CAPES.



DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO EM SEIS RAÇAS BOVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS NO BRASIL

João Inácio Gomes Vieira^{1*}; Lucas Lima Verardo¹;
Marco Antonio Machado², Pamela Itajara Otto²; Andréa Alves do Egito³;
Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva²

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG
*joaoinaciozoo@hotmail.com. ²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora – MG. ³Embrapa
Gado de Corte, Campo Grande - MS

Os bovinos taurinos chegaram ao Brasil entre os séculos XVI e XVII, introduzidos pelos europeus para serem usados como alimento, couro e tração animal. Após várias gerações de cruzamentos aleatórios em ecossistemas distintos, estes animais adaptaram-se às diversas condições locais, passando por processos de seleção natural e artificial. Medidas como a extensão do desequilíbrio de ligação (LD), fornecem informações importantes, como o número de marcadores, como os SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único), necessários para a realização de estudos de seleção e associação genômica ampla (GS e GWAS) para a avaliação de fenótipos de interesse. Objetivou-se com este estudo comparar os padrões gerais de decaimento do LD de seis raças de bovinos localmente adaptados criados no Brasil. Foram utilizadas 281 amostras de DNA de animais oriundos de rebanhos comerciais brasileiros das raças Caracu Caldeano (n=55), Caracu (n=24), Crioulo Lageano de Santa Catarina (n=62), Curraleiro Pé-Duro (n= 17), Crioulo Lageano do Rio Grande do Sul (n=54), Mocho Nacional (n=20) e Pantaneiro (n=49), genotipadas com os BovineHD Genotyping BeadChip® e BovineSNP50 v2 BeadChip®. Para avaliar a extensão do LD e seu comportamento ao longo do genoma, a correlação entre marcadores (r^2) foi calculada dentro de cada população por meio do modelo não-linear: $LD_{ijk} = \frac{1}{(1+4\beta_k d_{ij}) + e_{ijk}} + e_{ijk}$,

em que LD_{ijk} é o r^2_{ij} observado entre os SNPs i e j , na raça k ; d a distância entre os SNPs i e j em kilobases; β_k é o coeficiente que descreve o decaimento do LD em determinada distância para a raça k ; e e_{ijk} é o resíduo aleatório definido como $e_{ijk} \sim N(0, \sigma_e^2)$. Altas estimativas de β_k indicam extensão menor de LD e, consequentemente, histórico de cruzamentos recentes. Observou-se diferentes decaimentos do LD entre as raças, embora todos os padrões avaliados tenham apresentado uma rápida diminuição no LD à medida que a distância física aumentou no genoma. O LD teve queda mais acentuada na população de Crioulo Lageano de Santa Catarina, diferente do Curraleiro Pé-Duro, que mostrou maiores distâncias e menores estimativas de β_k . Populações com menores extensão de LD necessitam de maior densidade de marcadores para GS e GWAS, pois ambos se baseiam no LD entre marcadores. Para a avaliação das raças que mostraram o mesmo padrão de decaimento de LD (Caracu, Crioulo Lageano do Rio Grande do Sul, Mocho Nacional e Pantaneiro) pode-se utilizar chips com densidades de marcador similares em estudos genômicos.

Palavras-chave: GWAS, Seleção Genômica.

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG, CAPES, UFVJM e EMBRAPA.



DIFERENÇAS FENOTÍPICAS E GENÉTICAS EM LINHAGENS DE BOVINOS CARACU

João Inácio Gomes vieira^{1*}; Cassiane Gomes dos Santos¹; Tânia Fernandes Martins¹; Luana Rafaela de Moraes¹; Cristina Moreira Bonafé²; Ana Fabrícia Braga Magalhães¹; Lucas Lima Verardo¹

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG, Brasil. *joaoinaciozoo@hotmail.com. ²Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Unaí, MG, Brasil.

Com a chegada dos colonizadores ao Brasil nos anos de 1500, também vieram consigo os primeiros bovinos, que após várias gerações de cruzamentos aleatórios, em ecossistemas distintos adaptaram-se a diversas condições locais. Uma raça de bovinos que foi constituída neste período e que permanece até os dias de hoje é a raça Caracu, que tem em sua formação raças trazidas da Península Ibérica (*Bos primigenius taurus*). Apesar de ser um animal taurino, ao longo dos anos se adaptou muito bem ao clima tropical brasileiro, sendo até o início do século XX uma das raças com maior número de indivíduos no Brasil. No entanto, com a introdução das raças indianas, sua população sofreu profunda redução, culminando em rebanhos remanescentes na região de São Paulo, voltadas para corte, denominado Caracu e os remanescentes em Minas Gerais chamados de Caracu Caldeano, voltados para produção de leite. Apesar de existir uma distinção entre as duas linhagens, do ponto de vista genético, será que realmente existe embasamento científico para esta separação? Estudos recentes conduzidos por várias universidades em parceria com a Embrapa, utilizando assinatura de seleção para identificar regiões genômicas passíveis de seleção, apontam que existem vinte e uma regiões genômicas que se diferenciam, voltadas para carne e leite nas duas linhagens. Isso pode ser indicativo que as duas linhagens se diferenciaram, em termos genéticos, ao longo da seleção para cada objetivo. Tais estudos são importantes para um melhor entendimento dos processos envolvidos na evolução do genoma e o papel dos genes ao longo de seleção. Além disso, a diferenciação que ocorreu no gado Caracu ao longo da história das duas linhagens podem ter contribuído para moldar padrões de variação genética ao longo das gerações, que poderiam ser utilizados para identificar loci de características adaptativas e produtivas. Atualmente a raça Caracu tem sido procurada para ser utilizada em cruzamentos com raças zebuínas, tanto para corte como para leite, com o intuito aumentar a produção do F1, devido à heterose, sem necessariamente perder rusticidade, visto que a raça Caracu apesar de ser taurino, já adquiriu ao longo de todo seu período adaptativo características de resistência ao calor e aos ectoparasitas, que muito se assemelha ao gado indiano. Em resumo, os recentes estudos apontam que a raça Caracu pode ser mais uma opção para contribuir com aumento de produtividade, tanto em animais puros como em animais cruzados.

Palavras-chave: Localmente adaptada; Genoma.

Agradecimentos: CAPES, UFVJM.



TAMANHO EFETIVO DE POPULAÇÃO DE SEIS RAÇAS BOVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS NO BRASIL

Cassiane Gomes dos Santos^{1*}; Lucas Lima Verardo¹; Marco Antonio Machado²; João Cláudio do Carmo Panetto²; Andréa Alves do Egito³; Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva²

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina - MG. *E-mail: cassianezootecnia@gmail.com ²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora – MG ³Embrapa Gado de Corte, Campo Grande – MS

As raças bovinas brasileiras localmente adaptadas foram formadas por bovinos introduzidos pelos colonizadores europeus. A inferência sobre seu tamanho efetivo de população (N_e) é um importante parâmetro na conservação de recursos genéticos, devido à sua relação inversa com a endogamia. Objetivou-se avaliar o tamanho efetivo de seis raças bovinas brasileiras localmente adaptadas. Foram utilizadas 281 amostras de DNA de rebanhos comerciais brasileiros das raças Caracu Caldeano ($n=55$), Caracu ($n=24$), Crioulo Lageano de Santa Catarina ($n=62$), Curraleiro ($n=17$), Crioulo Lageano do Rio Grande do Sul ($n=54$), Mocho Nacional ($n=20$) e Pantaneiro ($n=49$), genotipadas com BovineHD Genotyping BeadChip® e BovineSNP50 v2 BeadChip®. Durante o controle de qualidade, foram excluídos marcadores que apresentaram alelos de menor frequência ($MAF < 0,01$, $call\ rate < 0,95$ e amostras com $call\ rate < 0,85$). O N_e na geração correspondente (T) foi estimado a partir da média estimada de r^2 associada e ao longo das gerações, de acordo com as distâncias dos marcadores no genoma, onde a variável c é a distância do marcador em *Morgans*, assumindo $1\text{ Mb} = 1\text{ cM}$, e $T = 1/2c$. A partir do r^2 estimado via PLINK v1.07, os valores médios foram agrupados em quatro faixas de distâncias entre marcadores ($<0,01\text{Mb}$, $0,011 - 0,03\text{Mb}$, $0,031 - 0,05\text{Mb}$ e $> 0,05\text{Mb}$) e usados para determinar o N_e nas gerações 50, 16,6, 10 e 5, respectivamente. Para observar o comportamento do N_e ao longo das gerações em cada raça, foi calculada a diferença (Dif.) entre as gerações 50 e 5. A raça Curraleiro Pé-Duro apresentou o menor valor de N_e (9,02) na geração 5, enquanto a raça Pantaneiro apresentou a maior diferença de valores da geração 50 para 5 (Dif.=68), mostrando grande decréscimo no N_e , embora na geração 5 (15,08) tenha sido obtido o maior valor para esse parâmetro. A raça Crioulo Lageano de Santa Catarina apresentou maior N_e na geração 5 (19,58) e também baixa variação (Dif.=46,99). Para raças com baixos valores de N_e , como o Curraleiro, é necessária atenção especial nos esquemas de acasalamento a fim de evitar possíveis problemas em função da alta endogamia. Considerando-se que as raças localmente adaptadas são importantes recursos genéticos animais, em razão das suas características de resistência, rusticidade e adaptabilidade em regiões com baixo nível tecnológico, o monitoramento do N_e é fundamental para evitar perdas por depressão endogâmica.

Palavras-chave: Recursos Genéticos; Endogamia; Variabilidade genética.

Agradecimentos: CAPES; FAPEMIG; UFVJM e EMBRAPA.



BOVINO CURRALEIRO: UM IMPORTANTE RECURSO GENÉTICO EM RISCO DE EXTINÇÃO NO BRASIL

Cassiane Gomes dos Santos^{1*}; Joashllenny Alves de Oliveira¹; Ana Fabrícia Braga Magalhães¹; João Inácio Gomes Vieira¹; Tânia Fernandes Martins¹; Lucas Lima Verardo¹

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. * E-mail: cassianezootecnia@gmail.com

O Curraleiro é uma raça taurina localmente adaptada, proveniente dos bovinos introduzidos no Brasil por meio dos colonizadores portugueses. Esta raça passou por um longo processo a criação extensiva e com baixo nível tecnológico, em que as condições ambientais ainda são desafiadoras, como altas temperaturas, grandes períodos de seca, e consequentemente escassez alimentar. Por conseguinte, tornaram-se animais altamente rústicos, resistentes a doenças (endo e/ou ectoparasitas), plantas tóxicas, e adaptáveis a condições de ambientes hostis. Dessa forma, genes/alelos associados a essas complexas características foram fixados na raça ao longo dos anos, o que tornam estes animais como um potencial recurso genético para programas de melhoramento animal. No entanto, em função do abate indiscriminado, substituição por outras raças (exóticas e/ou industriais) com maior potencial produtivo, aumento da endogamia e cruzamentos não dirigidos que suprimiram as características de interesse econômico, esta raça entrou em risco de extinção. No último censo (FAO, 2010) o efetivo desta raça foi de 3.692 animais, número considerado baixo em relação ao tamanho efetivo de outras raças bovinas no Brasil, comprovando a vulnerabilidade desta. Assim, programas de conservação genética vêm sendo incentivados pelo governo brasileiro através de instituições de estudo federais e públicas a fim de evitar o decréscimo da variabilidade genética, e consequentemente a extinção desta raça. Reporta-se que uma das ferramentas utilizadas pelos programas de melhoramento animal são as técnicas moleculares, como os marcadores do tipo SNP (*Polimorfismos de Nucleotídeo Único*), permitindo a genotipagem em larga escala dos animais e assim, a caracterização genética da raça, de acordo com o seu genoma. Através da análise de genótipos dos indivíduos é possível obter informações da diversidade genética via estudos de corridas de homozigose e cálculo do tamanho efetivo, além de permitir avaliação do potencial genético genômico via estudos de associação genômica, auxiliando na seleção de animais em diversos programas de melhoramento. Nesse ínterim, centros de pesquisas e associações regionais têm buscado a preservação do germoplasma de touros e a criação de núcleos de matrizes. Considerando esta raça Curraleiro como um importante recurso genético brasileiro, principalmente para pequenos produtores rurais, onde estratégias de conservação desta e de outras raças locais são imprescindíveis para evitar sua extinção.

Palavras-chave: Conservação; Efetivo populacional; Genoma.

Agradecimentos: CAPES; UFVJM.



CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DO ECÓTIPO PERU PRETO CAIPIRA (*Meleagris gallopavo* L.)

Diego Lima Dutra¹; Ronaldo Vasconcelos Farias Filho¹; Priscila Coelho Silva Galvão¹; Ulisses Barbosa de Sousa¹; Andréa Jesus dos Santos¹

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. *diego_lima_dutra@hotmail.com

O ecótipo Peru Preto Caipira são aves encontradas em propriedades rurais na região sudoeste do estado da Bahia e se caracterizam pela sua plumagem predominantemente negra. São animais com um potencial produtivo ainda desconhecidos pois até então não foram estudados, mas que apresentam características que as podem colocar em um patamar de boa produtividade, complementando a renda e sendo fonte de alimentos para pequenos produtores. Conhecer e caracterizar esse material é importante não só para a padronização dos indivíduos, mas também para evitar com que entrem em risco de extinção e desapareçam. Assim, objetivou-se caracterizar fenotipicamente o ecótipo Peru Preto Caipira (*Meleagris gallopavo* L.) por meio de descritores fenotípicos, como contribuição para o início do processo de valorização e reconhecimento como raça por parte do Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Foram utilizados 42 animais de ambos os sexos e de idades variadas, pertencentes ao Laboratório de Avicultura Experimental da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Foram medidas 20 características morfológicas, sendo 16 quantitativas e 4 qualitativas. As mensurações foram realizadas com auxílio de balança digital eletrônica, fita métrica e paquímetro. As aves foram classificadas como sendo de médio porte por apresentarem 4,1 kg de peso corporal; 85,6 cm de comprimento corporal; 38 mm de comprimento de cabeça; 38,5 mm largura de cabeça; 18,7 mm de comprimento dos olhos; 47,7 mm de comprimento de bico; 4 cm de comprimento de crista; 24,3 cm de comprimento do pescoço; 2,7 cm de comprimento de vassoura; 14,7 cm de largura de peito; 12,5 cm de largura da coxa; 38,6 cm de comprimento de perna; 20,4 cm de comprimento de pé; 17,5 cm e 48,6 cm de comprimento e envergadura de asas, respectivamente. Os animais têm o seguinte padrão fenotípico qualitativo: plumagem predominantemente negra (92,8%), bico de formato curvo, olhos e bico totalmente negros presente em 100% dos indivíduos. O ecótipo Peru Preto Caipira possui características fenotípicas quantitativas de baixo, médio e alto coeficientes de variação, mas suficientemente homogêneos para ser considerada uma raça definida.

Palavras-chave: conservação; morfologia; recursos genéticos



CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DOS OVOS DO ECÓTIPO PERU PRETO CAIPIRA (*Meleagris gallopavo* L.)

Diego Lima Dutra¹; Ronaldo Vasconcelos Farias Filho¹; Priscila Coelho Silva Galvão¹; Ulisses Barbosa de Sousa¹; Andréa Jesus dos Santos¹

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. *diego_lima_dutra@hotmail.com

No Sudoeste da Bahia, encontra-se aves completamente negras, de porte mediano, criadas de forma espontânea nas fazendas e apresentando bastante rusticidade. Chamadas de Peru Preto Caipira, estas aves provavelmente foram introduzidas pelos portugueses na época da colonização do Brasil e aqui passaram por um processo de adaptação e seleção natural por décadas, resultando em mudanças morfológicas e fisiológicas com mecanismos de adaptação às condições edafoclimáticas. Ainda é desconhecida a sua potencialidade bem como os seus índices zootécnicos, assim, iniciou-se a coleta de dados a partir das suas características reprodutivas. Desta forma, objetivou-se caracterizar fenotipicamente os ovos do ecótipo Peru Preto Caipira (*Meleagris gallopavo* L.). O estudo foi desenvolvido no Laboratório de Avicultura Experimental da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, onde os ovos eram coletados e higienizados diariamente com produto à base de amônia quaternária para então serem pesados em balança analítica e avaliados. Foi realizada avaliação da coloração da casca além da mensuração do comprimento e largura com auxílio de paquímetro digital. Os ovos eram armazenados por 7 dias em temperatura constante de 18°C e 60% de umidade relativa, sendo transferidos a uma incubadora de viragem automática em 37.7°C por 28 dias. O ecótipo Peru Preto Caipira apresenta uma boa uniformidade, as peruas produzem ovos com uma coloração de casca uniforme, de cor creme com pontuações levemente escurecidas por toda a superfície. Os ovos apresentaram média de 79,3 g, mesmo em peruas com idades diferentes. O coeficiente de variação do peso dos ovos foi de 6,46%, considerado baixo, demonstrando boa homogeneidade. Assim, há uma confirmação de um padrão estético desta variável para este grupo de ecótipo, cujos indivíduos já integram duas gerações. Para o seu comprimento e a largura, obteve-se uma média de 6,3 cm e 4,4 cm, respectivamente. O coeficiente de variação também foi baixo para estas variáveis, sendo de 4,8% para o comprimento e 2,6% para a largura, ressaltando assim o potencial genético deste ecótipo para a produção de ovos uniformes. Os ovos apresentaram homogeneidade para seu peso e tamanho, e quanto a coloração, não foram atestadas diferenças significativas.

Palavras-chave: conservação; criação caipira; raças nativas



EFEITO DA TEMPERATURA AMBIENTAL NOS PARÂMETROS HEMATOLÓGICOS DE BOVINOS CARACU

Natalya Gardezani Abduch^{1*}; Bianca V. Pires²; Henrique G. Reolon¹; Gabriel M. Wachekowski¹; Marihana R. G. Motta¹; Lorryny G. Silva³; Claudia C. P. Paz¹; Nedenia Bonvino Stafuzza¹

¹Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP.

²Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP. ³Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP.

*natalyaveterinaria@gmail.com

Caracu (*Bos taurus taurus*) é considerada uma raça taurina adaptada ao clima tropical brasileiro. O estresse térmico influencia diretamente no bem-estar, produção, reprodução e saúde animal. O objetivo desse estudo foi identificar alterações nos parâmetros hematológicos em 43 fêmeas e 48 machos Caracu sob estresse térmico. As coletas de sangue foram realizadas antes e após exposição ao sol por sete horas em dias que a temperatura do globo negro atingiu 45°C. A avaliação das características ambientais (sombra e sol) foi realizada por meio do PROC GLM (SAS, EUA). Para a análise de variância dos parâmetros hematológicos foi utilizado o PROC MIXED (SAS, EUA) em que se considerou como efeitos fixos o ambiente e o sexo ($P < 0,05$). O índice de bulbo úmido e termômetro de globo negro (IBUTG) apresentou diferenças significativas entre os ambientes sombra ($20,71 \pm 0,09$) e sol ($38,84 \pm 0,15$), o que refletiu diretamente no índice de tolerância ao calor (ITC) dos animais que variou de 3 a 28 ($14,78 \pm 4,91$), demonstrando maior estresse nos animais expostos ao sol. Houve interação entre ambiente e sexo para cortisol, eosinófilos e bastonetes, enquanto que cortisona, progesterona, hemoglobinas, hematócrito e volume corpuscular médio foram influenciados pelo sexo e ambiente. Hemácias (sombra > sol), concentração da hemoglobina corpuscular média, neutrófilos e segmentados (sombra < sol) foram influenciados apenas pelo ambiente. Já leucócitos, linfócitos, monócitos, hemoglobina corpuscular média (fêmeas > machos) e plaquetas (fêmeas < machos) apresentaram influência somente do sexo. Os resultados do ITC demonstraram que existe grande variabilidade para termotolerância dentro deste rebanho, o que permite a seleção de animais mais resistentes ao calor. Além disso, a exposição a altas temperaturas podem resultar em alterações nos parâmetros sanguíneos e nos níveis de cortisol e cortisona. Através deste estudo podemos observar que mesmo animais adaptados às condições tropicais apresentam respostas fisiológicas em resposta ao aumento da temperatura ambiental. Assim, conclui-se que o estresse térmico provoca alterações em diversos parâmetros sanguíneos em bovinos Caracu e que machos e fêmeas apresentam diferenças nas respostas hematológicas frente ao estresse térmico.

Palavras-chave: estresse térmico; hemograma; hormônios.

Agradecimentos: FAPESP (18/19216-7, 20/03699-9 e 19/10438-0) e CNPq.



BIOMETRIA ASSOCIADA AO ÚBERE DE OVELHAS MORADA NOVA, VARIEDADES VERMELHA E BRANCA

Wilder Ortiz Vega^{1*}; Genilson Cesar Alves¹; Hélio Araújo Costa¹; Aline Vieira Landim¹

¹Universidade Estadual Vale do Acaraú. *E-mail: (wilder_hernando@uvanet.br)

Características morfométricas tem sido associadas com longevidade, e fazem parte dos critérios de seleção em raças leiteiras caprinas e ovinas; porém são escassos os estudos em ovelhas nativas não leiteiras. O objetivo foi caracterizar a biometria associada ao úbere em ovelhas da raça Morada Nova (MN), variedades, vermelha (MNV) e branca (MNB). Foram avaliadas durante uma estação de reprodução, matrizes MNV (n=28) e MNB (n=10), adultas (3 – 5 anos), primíparas e múltiparas. O experimento foi conduzido na Universidade Estadual Vale do Acaraú, Sobral – CE. Nos 15 dias anteriores a estação de monta as ovelhas receberam flushing de 0,300 Kg/animal, de ração balanceada, com consumo de água e sal mineral *ad libitum*. Foram mantidas de manhã em caatinga raleada e à tarde receberam ração balanceada mais volumoso de capim Canarana erecta lisa (*Echinochloa pyramidalis*). As medidas foram realizadas com fita métrica e paquímetro digital, e para mensurações angulares foi utilizado o aplicativo de inclinômetro digital (Clinometer Plaincode®). Foram realizadas aos 8 ± 5 dias pré-parto. No pós-parto, foram aferidas ao meio-dia, antes da amamentação dos cordeiros aos 30, 60 e 90 dias de lactação. Foram mensuradas: profundidade (PU), comprimento (CoU), circunferência (CiU) e largura do úbere (LU), comprimento (CT) e largura do teto (LT), ângulo do teto esquerdo (AE) e direito (AD). Altura (AG), ângulo da garupa (AnG), largura entre íleos (LII) e ísquios (LIs) e comprimento da garupa (CG). Diferenças entre variedades foram avaliadas através de ANOVA, (GLM), incluindo efeitos da variedade (MNV ou MNB), do período de lactação (pré-parto, 30, 60 ou 90 dias), da interação entre variedade*período de lactação. O número de partos (primípara ou múltipara) como covariável. Médias entre variedades dentro de períodos de lactação foram comparadas por teste post hoc (Sidak) a 5% de probabilidade. As características PU, CoU, CiU, CT, AE, AD, LII, AG e CG apresentaram efeito devido à variedade (P<0,05). Ovelhas MNV tiveram maior PU no pré-parto que MNB (17,56 cm vs 14,54 cm), e aos 30 dias (9,36 e 9,10 cm vs 8,21 e 7,94 cm). O ângulo dos tetos apresentou valor médio de 43,37° (MNV) e 35,60° (MNB). A variedade MNB obteve maior média para AG, LII e CG (63,03; 14,86 e 20,33cm vs 59,08; 14,31 e 18,33cm, respectivamente). Morfometria associada ao úbere em ovelhas MN difere entre variedades e período de lactação para várias características. O estudo das suas associações com desempenho e longevidade poderá ampliar as características de interesse na seleção de matrizes de ovelhas nativas não leiteiras.

Palavras-chave: avaliação linear; fenômica; longevidade

Agradecimentos: FUNCAP, CAPES, CNPq.



ASSOCIAÇÃO DE PARÂMETROS FISIOLÓGICOS E EXPRESSÃO DE PROTEÍNAS DE ESTRESSE TÉRMICO EM BOVINOS TAURINOS E ZEBUÍNOS

Bianca Vilela Pires^{1*}; Sérgio B. G. P. N. P. Lima²; Nedenia Bonvino Stafuzza²; Claudia Cristina Paro de Paz^{1,2}

¹Departamento de Genética, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 14049-900, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

²Instituto de Zootecnia, Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, 14174-000, Sertãozinho, SP, Brasil.

*biancapires@usp.br.

Alterações em parâmetros fisiológicos como temperatura corporal, frequências cardíaca e respiratória, e na expressão de genes codificantes das proteínas de choque térmico (HSPs) são comumente observadas em animais de produção em dias quentes. O objetivo do presente estudo foi buscar associações entre os parâmetros fisiológicos e expressão das HSPs em bovinos das raças Caracu e Nelore em situação de estresse térmico. Nos meses de outubro, dezembro (2017), fevereiro e março (2018) foram selecionados dias com temperatura do globo negro acima de 45°C. Trinta e sete machos da raça Nelore (*Bos indicus*) e 41 da raça Caracu (*Bos taurus*) com 13 ± 2 meses de idade, foram expostos ao sol (11:00 as 13:00) e, após a exposição, foram coletados os parâmetros fisiológicos temperatura retal (TR), facial (TF), dorsal (TD) e caudal (TC), frequência respiratória (FR) e cardíaca (FC), além de sangue para análise de expressão gênica. Para todos os animais foi calculado o índice de tolerância ao calor (ITC). Para realizar a RT-qPCR foram selecionados os genes *HSPD1*, *HSPA1A* e *HSP90AA*, que codificam as proteínas HSP 60, 70 e 90 respectivamente. A associação entre os dados coletados nos animais e os dados climáticos (TA: temperatura do ar e UR: umidade relativa) foi calculada por meio do procedimento CORR do *software* SAS. A TR apresentou correlação positiva baixa (0,20 - 0,30) com TF, FC e UR e negativa moderada com ITC (-0,42), demonstrando que animais com alta temperatura interna apresentam baixo índice de conforto térmico, afetando também a temperatura externa e o ritmo cardíaco do animal. A expressão de *HSPD1* e *HSP90AA1* apresentou associação positiva com FC (0,19 e 0,17 respectivamente), já que animais expostos ao sol tendem a aumentar a FC e consequentemente desencadear a ativação celular das proteínas de choque térmico. A expressão de *HSPA1A* foi associada negativamente com TC (-0,17) inferindo que a região caudal não é a área mais adequada para se coletar a temperatura de bovinos a fim de avaliar o estresse térmico. A queda na UR pode causar elevação da FC, FR e da expressão dos genes *HSPD1* e *HSPA1A*. A TA apresentou associações negativas com a TR, TF e FC. Conclui-se que animais fora da zona de termoneutralidade, independente de sua raça, tendem a alterar seu metabolismo interno para manter o equilíbrio homeostático e seu bem-estar.

Palavras-chave: Caracu; Nelore; termotolerância.

Agradecimentos: Agradecemos a FAPESP (2016/19222-1, 2018/19216-7) e ao CNPq (409485/2018-7) pelo suporte financeiro.



ASPECTOS FISIOLÓGICOS DE ADAPTABILIDADE EM CABRAS E OVELHAS NATIVAS DE PELAME PRETO CRIADAS EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Josiel Ferreira^{1*}; Robson Mateus Freitas Silveira²; José Ernandes Rufino de Sousa¹; Débora Andréa Evangelista Façanha¹

¹Universidade Federal Rural do Semiárido. ²Universidade Estadual do Vale Acaraú. *E-mail do autor apresentador: jjosielborges@hotmail.com

Novas estratégias para seleção animal devem ser discutidas frente às mudanças climáticas. As elevadas temperaturas e a intensa radiação solar do semiárido são fatores ambientais considerados estressantes para os animais, do ponto de vista térmico, embora os rebanhos sejam formados por animais de raças localmente adaptadas. Animais de pelagens mais escuras absorvem mais energia térmica em comparação aos da pelagem mais claras. Apesar dessas investigações, presume-se que as cabras e ovelhas pretas estão totalmente adaptados ao ambiente, pois compõem os sistemas de produção a muitos anos. No entanto, os nossos questionamentos são: *Quais são as respostas fisiológicas responsáveis pela termorregulação em animais de pelame preto? Existem diferenças entre cabras e ovelhas?*. O objetivo deste estudo foi investigar a influência das mudanças nas condições ambientais térmicas diárias sobre as respostas termorreguladoras, equilíbrio ácido-básico e eletrolítico de cabras e ovelhas pretas criadas em condições semiáridas. Dez cabras da raça Canindé e sete ovelhas da raça Morada Nova, ambas adultas, foram avaliadas quanto as suas respostas termorreguladoras (temperatura retal, TR; frequência respiratória, FR; evaporação cutânea, EC), equilíbrio ácido-básico (pH; pressão parcial de dióxido de carbono, PCO₂; pressão parcial de oxigênio, PO₂; concentração de bicarbonato, HCO₃; excesso de base, EB; dióxido de carbono total, TCO₂; saturação venosa de oxigênio, SO₂) e eletrolítico (sódio, Na⁺; potássio, K⁺). Utilizou-se como efeitos fixos a condição ambiental (termoneutralidade, 5 a 6 am; calor, 12 am a 13 pm) e a espécie (cabra; ovelha). Observamos mudanças significativas em todas as respostas termorreguladoras de ambas as espécies de acordo com o efeito da condição ambiental. As médias gerais das espécies mostraram que apenas a EC em ovelhas foi elevada, seguindo uma resposta inversa quando comparadas com as mudanças nas cabras. Somente o pH sanguíneo das cabras não mudou sob condição de calor, já para as ovelhas, variáveis como EB e o TCO₂ mudaram. As médias gerais de PCO₂, HCO₃, EB, TCO₂ e SO₂ apresentaram diferença de acordo com o efeito da espécie. Para o balanço eletrolítico, tiveram elevações nas concentrações de Na⁺ para ambas as espécies em condição de calor, no entanto, para o efeito de espécie as concentrações de Na⁺ e K⁺ foram diferentes. As cabras e ovelhas pretas criadas em condições semiáridas possuem um equilíbrio homeotérmico, ácido-básico e eletrolítico particular, que depende principalmente das condições ambientais térmicas diárias. Os resultados apoiam que ambas as espécies são realmente localmente adaptadas e constatou-se que as cabras Canindé têm um padrão de homeostase mais definido em comparação com as ovelhas da raça Morada Nova.

Palavras-chave: cabra Canindé; homeostase; ovelha Morada Nova.



PARÂMENTROS GENÉTICOS PARA HABILIDADE DE PERMANÊNCIA EM BOVINOS CARACU

Luiz Gustavo Cavalca¹; Fabio José Carvalho Faria²
Roberto Augusto de Almeida Torres Junior³

¹Doutorando UFMS gustavocavalca@me.com; ²UFMS; ³Embrapa Gado de Corte

O presente estudo avaliou-se a utilização da habilidade de permanência como critério de seleção na raça Caracu, pertencentes ao projeto Taurino Tropical, desenvolvido no município de Diamantino, no Estado do Mato Grosso. A característica habilidade de permanência foi definida como a capacidade de apresentar 3 partos antes do fim da estação de monta em que completa 6 anos de idade (76 meses), dado que a matriz apresentou o primeiro parto entre 20 e 40 meses (2 e 3 anos, mais ou menos 4 meses da estação de nascimento). A descrição do modelo adotado para a habilidade de permanência Y_{ij} é: $y_{ij} = \mu + GC_i + a_j + e_{ij}$, onde, Y_{ij} é o valor na escala observada do animal j nascido no grupo contemporâneo i , da habilidade de permanência, sendo igual a 1 quando o animal obtém sucesso em entregar três partos até a idade exigida e 0 caso contrário, μ é uma constante; GC_i é o efeito fixo do grupo contemporâneo, definido como a combinação de rebanho, ano e época de nascimento; a_j é o valor genético aditivo do animal j , sendo que $\mathbf{a} = \{a_j, j = 1 \dots N\} \sim MVN(\mathbf{0}, A\sigma_a^2)$, onde A é a matriz de parentesco e σ_a^2 é a variância genética aditiva; e_{ij} é o resíduo aleatório, $e_{ij} \sim i. i. d. N(0, \sigma_e^2)$. Os componentes de variância genética e residual foram estimados por inferência bayesiana utilizando procedimento de Monte Carlo, baseado em Cadeias de Markov denominado amostrador de Gibbs implementado no software Thrgibbs1F90 Misztal (1998). Na implementação da Amostragem de Gibbs, foi utilizado um tamanho de cadeia de 1.100.000 ciclos, com descarte inicial de 100.000 ciclos e as amostras retiradas a cada 10 ciclos. Os resultados indicam uma herdabilidade de baixa magnitude, 0,07, corroborando com a literatura encontrada para outras raças. A habilidade de permanência, sofre influência de fatores não genéticos, como fatores ambientais e de manejo, portanto apresenta uma baixa herdabilidade, porém, se utilizarmos touros com números de filhos já avaliados, superiores a 30, certamente teremos uma boa resposta a seleção.

Palavras-chave: Fêmeas bovinas, permanência no rebanho, raça adaptada



INDICADORES DE PRECOCIDADE SEXUAL EM BOVINOS DA RAÇA CARACU

Luiz Gustavo Cavalca¹; Fabio José Carvalho Faria²; Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes³; Leonardo Martin Nieto⁴; Roberto Augusto de Almeida Torres Junior³

¹Doutorando UFMS gustavocavalca@me.com; ²UFMS; ³Embrapa Gado de Corte; ⁴Geneplus

Atualmente em quase todas as raças de bovinos de corte bem como nos seus cruzamentos a precocidade de crescimento e a precocidade sexual, têm ocupado lugar de destaque nos programas de melhoramento, seja para contribuir na melhora da qualidade da carne, seja para aumentar o desfrute ou para acelerar o ganho genético. Na raça Caracu também se faz necessário este delineamento de seleção, uma vez que a maioria de seus tourinhos serão utilizados no cruzamento industrial, buscando produzir animais precoces para o abate, e dentro de um programa de seleção da raça, a precocidade sexual de suas fêmeas também se torna uma importante ferramenta para acelerar o ganho genético. O objetivo deste trabalho foi avaliar e comparar o uso do perímetro escrotal mensurado aos 12 meses, com o perímetro escrotal aos 12 meses ajustado, pelo modelo linear e pelo modelo multiplicativo, para o peso ao ano, como indicadores de precocidade sexual em fêmeas da raça Caracu, pertencentes ao projeto Taurino Tropical, desenvolvido no município de Diamantino, no estado do Mato Grosso. O arquivo de dados continha informações de animais nascidos entre 2003 e 2016, totalizando 12.329 animais avaliados. A precocidade sexual das fêmeas foi avaliada como a probabilidade de parto precoce (PPP), que por sua vez, foi identificada pela ocorrência do primeiro parto até os 28 meses de idade. O ajuste do perímetro escrotal em ambos os modelos, seja multiplicativo ou linear, aumentou a herdabilidade do perímetro escrotal e a correlação com a probabilidade de parto precoce. Entretanto o ajuste não contribuiu para o aumento da capacidade preditiva de um modelo com perímetro escrotal, peso, tipo e funcionalidade. Neste rebanho Caracu estudado, o perímetro escrotal está associado a probabilidade de parto precoce (precocidade sexual das fêmeas), mas em menor magnitude quando comparado ao encontrado na literatura.

Palavras-chave: perímetro escrotal, peso, probabilidade de parto precoce



MEDIDAS CORPORAIS DE OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA, VARIEDADE BRANCA: CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE UM RECURSO GENÉTICO EM RISCO DE EXTINÇÃO

Samuel Freitas Nunes¹; Josiel Ferreira¹; Robson Mateus Freitas Silveira²;
Francisco Fernandes Feitoza Neto¹; José Ernandes Rufino de Sousa¹; Débora
Andréa Evangelista Façanha¹

¹ Universidade Federal Rural do Semiárido. ²Universidade Estadual do Vale Acaraú.
*feitozanetto@hotmail.com

A partir da subjetividade e carência de dados técnicos do atual padrão racial da variedade branca de ovinos da raça Morada Nova, além da situação de risco de extinção em que a mesma se encontra, o presente estudo teve o objetivo de realizar uma caracterização morfométrica, utilizando dezesseis (16) traços morfológicos e treze (13) índices zoométricos. Um total de 115 animais de sete (7) rebanhos de três estados da região Nordeste do Brasil foram avaliados. Diferenças entre variáveis quantitativas foram avaliadas por meio de análise de variância, enquanto que o teste qui-quadrado (χ^2) foi realizado para variáveis categóricas. Uma análise de componentes principais (ACP) foi realizada a fim de reduzir o número de variáveis no estudo, e análises discriminante canônica (ADC) e de árvore foram usados para definir quais variáveis tiveram o maior poder discriminatório para diferenciar as características corporais dos rebanhos. Cinco componentes principais (CPs) foram identificados, que juntos explicam mais de 72% da variação das variáveis quantitativas e qualitativas, que apresentam a seguinte ordem de importância: estrutura, pigmentação, altura, pavilhão auricular e proteção física. Outros cinco CPs também foram determinados para os índices zoométricos, explicando mais de 90% das variações encontradas, sendo classificados na seguinte ordem de importância: potencial produtivo, capacidade corporal, expansão cefálica, pélvica e torácica. O índice cefálico é responsável por 68,35% da diferenciação dos rebanhos e praticamente dividiu os animais em dois grandes rebanhos. A classificação das ovelhas de acordo com os rebanhos no ADC mostra que três rebanhos foram classificados de acordo com suas próprias características e os outros possuem boa parte das ovelhas classificadas como pertencentes a outros rebanhos. Os ovinos da raça Morada Nova possuem boa capacidade torácica, desenvolvimento de corpo médio e garupa quadrada, tem mucosa, cascos e pele despigmentada ou parcialmente despigmentada e características morfológicas que indicam melhor aptidão para a produção de carne. As variáveis relacionadas aos cascos (pigmentação) e medidas cefálicas são aquelas que têm o maior poder de diferenciação entre os animais. As características mais homogêneas foram: mucosa ocular, pavilhão auricular e pele do dorso (pigmentação), comprimento da orelha e índice da relação cernelha-garupa.

Palavras-chave: índices zoométricos; ovinos nativos; pequenos ruminantes.



PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO CORPORAL E PRODUÇÃO DE LEITE DE VACAS DA RAÇA GIR LEITEIRO NOS TRÓPICOS

Bruna Hortolani^{1*}; Priscila Arrigucci Bernardes ²; Anibal Eugênio Vercesi Filho¹;
João Cláudio do Carmo Panetto³; Lenira El Faro Zadra¹

¹Instituto de Zootecnia-IZ, Nova Odessa-SP. *hortolanib@gmail.com.br

²Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC, Florianópolis-SC

³Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG

O objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos para peso da vaca (PV) e produção acumulada de leite aos 305 dias de lactação (P305) de fêmeas da raça Gir Leiteiro. O estudo utilizou informações de 1.847 registros de PV e 4.048 registros de P305, oriundas de 2.339 fêmeas, pertencentes a três rebanhos localizados na região Sudeste, com parição entre os anos de 1986 e 2019. Os componentes de variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita usando um modelo animal bicaracterísticas. O modelo incluiu efeitos genéticos aditivos diretos, ambientais permanentes e residuais como efeitos aleatórios e, os efeitos fixos do grupo de contemporâneas, formado pela concatenação das variáveis do rebanho, ano de parto e estação de parto (seca ou águas) e a idade da vaca ao parto como covariável (efeito linear e quadrático). As estimativas de herdabilidade para PV e P305 foram de $0,21 \pm 0,06$ e $0,27 \pm 0,04$, respectivamente, e as estimativas de repetibilidade foram de $0,45 \pm 0,03$ e $0,47 \pm 0,02$, respectivamente. A correlação genética entre PV e P305 foi positiva e de baixa magnitude ($0,25 \pm 0,18$), indicando uma fraca associação genética entre as características. As estimativas de herdabilidade foram medianas para ambas as características, mas as tendências genéticas mostraram ganhos genéticos crescentes para P305 ao longo dos anos, o que é de grande interesse para os produtores de zebuínos leiteiros. Outro fator importante observado nas tendências genéticas dos rebanhos estudados, são os indicativos de poucas alterações no peso corporal das vacas ao longo dos anos, outro ponto de grande relevância para produção de leite em sistemas de produção a pasto em regiões tropicais.

Palavras-chave: correlação genética; herdabilidade; zebu leiteiro

Agradecimentos: Fazenda Santana da Serra, Fazenda Calciolândia e Fazenda Cabo Verde.



PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CONTAGEM DE CARRAPATOS EM BOVINOS HEREFORD E BRAFORD

J. F.N. Sampaio¹; R. A. Teixeira²; L. T. Dias²

¹Aluno do Curso de Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná – UFPR – Curitiba/PR. joaosampaiozootec@gmail.com

²Docente do Depto de Zootecnia e do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia- Universidade Federal do Paraná - UFPR.

A infestação pelo carrapato *Rhipicephalus microplus* (Canestrini, 1887) é um dos principais problemas relacionados a doenças ectoparasitárias que acometem rebanhos bovinos nas regiões tropicais no mundo. As perdas econômicas ocorrem devido a perdas produtivas, doenças secundárias, como a tristeza parasitária bovina, gastos com mão de obra e insumos para tratamento parasitário. Na criação de bovinos taurinos, ocorre o aumento da demanda por produtos parasiticidas, devido à menor resistência desses animais ao carrapato, em relação aos zebuínos, fato que aumenta o risco de resistência aos tratamentos. Considerando a necessidade de redução do uso de carrapaticidas e a expansão do uso de animais taurinos em sistemas de cruzamentos nos rebanhos brasileiros, o objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos para a contagem de carrapato em um rebanho bovino das raças Braford e Hereford. Foram utilizados um total de 2.778 contagens de carrapatos (com tamanho maior do que 4,5 mm), de 1.302 animais avaliados entre 2003 e 2020, pertencentes ao banco de dados da Fazenda São Manoel, localizada na região do Alegrete, RS. As contagens foram realizadas no lado direito dos animais, considerando um período mínimo de 30 dias após banho carrapaticida. As avaliações foram realizadas em animais de ambos os sexos, com média de 520 dias de idade. A estimação dos parâmetros genéticos foi realizada por meio do software AIREMLF (BLUPF90), considerando como efeitos fixos, o grupo de contemporâneos (sexo, grupo de manejo, mês e ano da contagem), grupo genético e, como covariável, o efeito linear da idade a contagem, além dos efeitos genético aditivo direto e ambiente permanente de animal como aleatórios. As análises foram realizadas de duas formas, considerando contagens sem e com transformação logarítmica, com médias de 35,59 ($\pm 27,03$) e 1,42 ($\pm 0,36$), respectivamente. Os coeficientes de herdabilidade para contagens de carrapatos sem e com transformação foram 0,42 ($\pm 0,11$) e 0,33 ($\pm 0,13$) e repetibilidade de 0,82 ($\pm 0,15$) e 0,66 ($\pm 0,14$). Independente do uso de transformação, a magnitude da herdabilidade e da repetibilidade em ambos os casos foram semelhantes. Os valores encontrados corroboram os resultados da literatura para rebanhos taurinos no Brasil. Com base nos resultados identificados, é possível concluir que a resistência ao carrapato nesse rebanho responderá a seleção direta, sendo suficiente uma única contagem para prever as próximas avaliações.

Palavras-chave: herdabilidade; repetibilidade; resistência ao carrapato

Agradecimentos: A Fazenda São Manoel e a Embrapa Pecuária Sul pelo fornecimento dos dados



EFICIÊNCIA NA PERDA E GANHO DE CALOR CORPORAL DE CABRAS CANINDÉ EM AMBIENTE EQUATORIAL SEMIÁRIDO

Robson Mateus Freitas Silveira¹; Josiel Borges Ferreira²; Lucas dos Santos Fonseca^{2*}; José Ernandes Rufino de Sousa²; Débora Andréa Evangelista Façanha²

¹Universidade Estadual do Vale Acaraú. ²Universidade Federal Rural do Semiárido. *E-mail do autor apresentador: lucasdsfoncecazoo@gmail.com

As mudanças climáticas provavelmente serão uma grande ameaça à sustentabilidade da produção pecuária, principalmente em regiões áridas e semiáridas, sendo assim, animais criados em regiões quentes são geralmente sujeitos a condição de estresse térmico, sendo obrigados a buscar continuamente o equilíbrio térmico. Os mecanismos de trocas térmicas podem variar entre espécies, raças e até mesmo entre indivíduos. Considerando a necessidade de compreensão deste tema associado à conservação dos recursos genéticos locais, o objetivo deste estudo foi obter informações de como as cabras Canindé realizam trocas de calor corporal em um ambiente semiárido equatorial. Foram utilizadas dez cabras da raça Canindé, com idade entre 2 e 3 anos, não lactantes, não gestantes e com peso corporal de $22,90 \pm 2,70$ kg. Os animais foram mantidos em pastagem nativa, onde permaneceram diretamente expostos à radiação solar. As respostas termorreguladoras como: frequência respiratória (FR), registrada por contagem movimentos de flanco durante 1 min, a temperatura retal (TR), medida usando um termômetro digital inserido no reto (precisão de $\pm 0,1$ °C) e a taxa de sudorese (TS) foi medida na região do pescoço usando o colorimétrico, foram medidos por 8 dias, uma vez por semana, durante 8 semanas consecutivas em cada animal, com coleta entre intervalos de 1 h ao longo do dia (24 h, n = 1920), juntamente com as variáveis meteorológicas: temperatura do ar (TA), umidade relativa (UR) e índice de temperatura umidade (ITU). Foram determinados dois dias com condições climáticas estressantes. Como consequência, foram encontrados valores de ITU mais elevados, nos permitindo testar nossas hipóteses. O TA e a UR foram analisados nesses dias, onde o horário em que as cabras mais ganharam calor foi entre 11h e 15h e o horário em que as cabras perdem mais calor foi entre 16h e 10h. O TR foi avaliado nestes dois dias usando as médias de cada hora como ponto de corte, determinando se os animais são eficientes (EF) ou ineficientes (INEF) na perda e ganho de calor. Seis animais foram classificados como EF pois perderam mais ou igual quantidade de calor representada pelo TR sendo classificados como EF. Ocorreram diferenças para FR e TS entre os períodos, com médias elevadas entre as 11h e 15h. Não foram encontradas diferenças para FR e TS de acordo com a classificação dos animais. Para as interações entre o período e a classificação dos animais foi identificado efeito apenas para TR ($P < 0,001$). A eficiência dinâmica perda e ganho de calor corporal de cabras Canindé mostrou que o rebanho como um todo possui uma excelente dinâmica térmica em um ambiente semiárido equatorial. Os dados relatados aqui sugerem que a inclusão da dinâmica para ganho e perda de calor devem ser utilizadas como critério de seleção.

Palavras-chave: cabras Canindé; temperatura retal; homeotermia.



PESO CORPORAL DE ZANGÕES AFRICANIZADOS SITUADOS NA REGIÃO SEMIÁRIDA

Edgar Rodrigues Araujo Neto^{1*}; Lucas Silva Moraes¹; Débora Andrea Evangelista Façanha¹; Katia Peres Gramacho¹, Dejair Message¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. * neto13br@hotmail.com

A abelha africanizada (*Apis mellifera* L.) vem sendo alvo de recorrentes estudos em diferentes partes do mundo, muito se sabe sobre operárias e rainhas de abelhas africanizadas em diversas regiões e diferentes biomas, pouco se sabe sobre os zangões africanizados e muito menos ou quase nada sobre os zangões africanizados criados em região semiárida brasileira e os efeitos do bioma Caatinga sobre essas populações, chamando assim a atenção para a necessidade de novas pesquisas relacionadas aos zangões africanizados dessa região, buscando ferramentas para a conservação dessa espécie, a qual se adaptou tão bem as condições climáticas do semiárido. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar as variações do peso corporal dos zangões africanizados provenientes da região semiárida brasileira, a fim de verificar pioneiramente um padrão para o parâmetro avaliado. Foram realizadas amostragens de 100 zangões africanizados de diferentes colônias, todas situadas no mesmo apiário e sobre as mesmas condições geográficas e de manejo. Os zangões africanizados foram capturados utilizando armadilhas instaladas no alvado das colônias, garantindo a captura apenas de zangões africanizados que estavam saindo para voo, garantindo assim que a idade dos zangões fosse acima de 8 dias. Depois de capturados, os zangões africanizados passaram por um processo rápido de dormência, no qual foram adormecidos no congelador por 1 minuto, e em seguida, pesados em uma mini balança digital de precisão com capacidade para pesar até 500 mg. O resultado encontrado foi uma média de peso de 128 g ($\pm 0,17$), tendo uma variação de 100 a 170 g. A variação de peso dos zangões pode ter sido devido as diferentes idades, pois, o método de captura utilizado para coletá-los não garantia a mesma idade para todos. Com o presente resultado, foi possível registrar um parâmetro morfométrico básico de zangões africanizados em região semiárida no bioma caatinga, possibilitando assim estudos comparativos com zangões de regiões diferentes e até mesmo de diferentes subespécies de abelhas do gênero *Apis*.

Palavras-chave: abelha; *Apis*; peso corporal.



AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA DA VARIEDADE BRANCA PARA ELABORAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE CONSERVAÇÃO

Samuel Freitas Nunes¹; Josiel Ferreira¹; Lucas da Silva Morais¹; Samuel Rezende Paiva²; Danielle Assis Faria³; Carlos Eduardo Alves Soares¹; José Ernandes Rufino de Sousa¹; Débora Andréa Evangelista Façanha¹

¹Universidade Federal Rural do Semiárido. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ³Universidade de Brasília. *morais.lucas11@gmail.com

Na raça Morada Nova, existem duas variedades de pelagem reconhecidas pela Associação de Criadores de Caprinos e Ovinos, a tradicional vermelha e uma variedade branca, sendo esta última, pouco utilizada nos sistemas de produção. Através de um levantamento do número de rebanhos e animais da variedade branca, realizado nos anos de 2018 e 2019, foram identificados sete rebanhos em três estados da região Nordeste brasileira. Um total de 259 animais foram identificados e este fato coloca a variedade em situação de risco de extinção segundo as diretrizes da *Food Agricultural Organization*. Portanto, a partir da constatação do crítico estado populacional da raça, o objetivo do presente estudo foi realizar uma avaliação molecular utilizando marcadores SNPs para conhecer a estrutura e a diversidade genética dos rebanhos e da população de ovelhas da raça Morada Nova Branca, para subsidiar a elaboração de estratégias para conservação desse genótipo. Foram coletadas 68 amostras de sangue em sete rebanhos localizados nos estados do Rio Grande do Norte ($n = 2$), Ceará (4) e Paraíba (1). Para realização do controle de qualidade, os seguintes filtros foram aplicados: (1) Eliminação dos marcadores nos cromossomos sexuais, no DNA mitocondrial e marcadores não mapeados no genoma ovino; (2) Marcadores com taxa de *call rate* $< 0,85$; (3) Número de alelos > 2 ; (4) Marcadores que não estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE) e (5) em desequilíbrio de ligação (DL) $r^2 = 0,5$ com *window size* de 50. As seguintes medidas de variabilidade foram aplicadas: heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e), coeficiente de endogamia (F) e número de SNPs polimórficos (N_{SNP}). Para avaliar a diferenciação genética de pares, o índice de fixação F_{ST} foi calculado para todos os pares de rebanhos e AMOVA foi realizada. A análise de componentes principais (ACP) foi realizada para avaliar a estratificação da população. O *BeadChip* utilizado teve aplicabilidade na avaliação de ovinos dessa raça. A H_o para as populações B, E, F e G são superiores a H_e , indicando que essas subpopulações não estão em HWE e o F em todas as subpopulações foi baixo ($F < 0,05$). As populações D-E e D-G apresentaram maiores valores de diferenciação genética entre si, quando comparado com as outras subpopulações. Resultado confirmado pela AMOVA, onde as diferenças entre as subpopulações são de 2,39%, sendo o restante atribuído à diferença entre indivíduos (96,61%), corroborando com ACP, onde os três primeiros componentes foram responsáveis por 6,14% da variação. A situação da variedade branca é delicada, pois possui um tamanho efetivo reduzido, demandando atenção e cuidados na sua gestão. Este fato, dificulta a tomada de decisão para manutenção dos baixos níveis de parentesco entre os animais e, dessa forma, a manutenção da variabilidade genética.

Palavras-chave: análise de componentes principais; genotipagem; *OvineSNP50 BeadChip*.



ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA GANHO DE PESO E CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM BOVINOS NELORE COM E SEM INCLUSÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA

Rebeka Magalhães da Costa^{1*}; Anderson Antonio Carvalho Alves¹; Rafael Nakamura Watanabe¹; Ana Paula Sbardella¹; Tatiane Cristina Seleguim Chud²; Raysildo Barbosa Lôbo³; Danísio Prado Munari¹.

¹Universidade Estadual Paulista – FCAV/UNESP Jaboticabal. ²University of Guelph, Canadá. ³Universidade de São Paulo – USP/FMRP Ribeirão Preto

*rebeka.magalhaes@gmail.com

A utilização de informação genômica em avaliações genéticas pode levar a um ganho genético mais rápido do que aquelas com base apenas em dados de pedigree e fenotípicos. Neste estudo, o objetivo foi avaliar a influência da inclusão da informação genômica nas estimativas de parâmetros genéticos para ganho de peso diário de 120 a 210 dias de idade (GP), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) em bovinos da raça Nelore. As estimativas foram obtidas com dados de pedigree de 192.483 animais, nascidos entre 1934 e 2016, fenótipos de 44.959 animais e genótipos de 6.009 animais, cedidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Os componentes de (co)variância foram estimados por metodologia bayesiana via amostragem de Gibbs. Efeitos fixos de grupos de contemporâneos ($p < 0,05$) e linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto ($p < 0,0001$) foram considerados na análise de todas as características. Os valores genéticos foram estimados por modelo animal (matriz A), via equações de modelos mistos e os valores genéticos genômicos por metodologia *single-step genomic BLUP* (matriz H). Estimativas de parâmetros genéticos foram semelhantes em ambas as metodologias, provavelmente devido a adequada estrutura de pedigree e fenótipos do arquivo de dados. Assim, a inclusão de informação genômica pouco contribuiu para a estimação dos parâmetros genéticos. As estimativas de herdabilidade (h^2), sem e com informação genômica foram, respectivamente, 0,18/0,19 (GP); 0,37/0,32 (AOL); 0,17/0,18 (EGS) e 0,28/0,25 (EGP8), indicando possibilidade de ganhos genéticos por seleção, principalmente para AOL e EGP8. As estimativas de correlação genética entre GP e AOL (matriz A/H: 0,52±0,06 / 0,48±0,06), GP e EGS (0,30±0,09 / 0,26±0,07) e GP e EGP8 (0,20±0,08 / 0,24±0,08) indicaram que a seleção para GP poderá trazer ganhos genéticos indiretos para AOL, EGS e EGP8. Animais precoces para desenvolvimento muscular tendem a apresentar deposição de gordura precoce e melhor qualidade de carcaça. Portanto, a seleção para GP poderá trazer melhorias futuras para qualidade de carcaça. A associação genética favorável de GP com características de carcaça poderá ser considerada em programas de melhoramento genético de bovinos Nelore.

Palavras-chave: bovinos de corte, herdabilidade, ssGBLUP

Agradecimentos: À ANCP pela concessão de dados e a CAPES e CNPq pela concessão de bolsas de estudo e de pesquisa.



CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR, DESEMPENHO E CARÇA EM FÊMEAS CARACU

Ana Claudia de Freitas^{1*}; Natalya G. Abduch¹; Luana L. Souza²; Leandro S. Sakamoto¹; Maria Eugênia Z. Mercadante¹; Claudia C. P. Paz¹; Rafael M. O. Silva³; Nedenia Bonvino Stafuzza¹

¹Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP. ³Zoetis, São Paulo, SP. *anafreitas.unesp@gmail.com

A raça Caracu sustentou a pecuária brasileira antes da chegada dos zebuínos e hoje apresenta o maior rebanho efetivo para exploração pecuária entre as raças crioulas, sendo que o Instituto de Zootecnia desenvolve um programa de seleção da raça Caracu visando à conservação desse material genético. Esse estudo teve como objetivo estimar as correlações fenotípicas de eficiência alimentar (ganho médio diário/GMD, consumo alimentar residual/CAR), consumo (água/CA, matéria seca/CMS), características de carcaça (área de olho de lombo/AOL, espessura de gordura na garupa/EGG e subcutânea/EGS) e peso no início (PI) e no final (PF) do teste de eficiência alimentar realizado com 43 fêmeas contemporâneas da raça Caracu. Os dados foram obtidos após 70 dias válidos de teste de eficiência alimentar em cochos Intergado® e ultrassonografia de carcaça, onde os animais tinham em média 15 meses. As análises foram realizadas com o PROC CORR (SAS Institute, Cary, NC, EUA), considerando $P < 0,05$. GMD apresentou correlação positiva com PF (0,308) e CMS (0,315), enquanto que o PI e o CA não interferiram no GMD. CAR apresentou correlação positiva apenas com CMS (0,516), já que o consumo alimentar está diretamente relacionado com a eficiência alimentar. CMS apresentou correlação positiva com pesos (PI: 0,691 e PF: 0,747), GMD (0,315), AOL (0,531), CAR (0,516) e CA (0,539), ou seja, os animais mais pesados consumiram mais ração e água, porém foram menos eficientes. CA apresentou correlação positiva com pesos (PI: 0,578 e PF: 0,599), CMS (0,539) e AOL (0,362). AOL apresentou correlação positiva com pesos (PI: 0,761 e PF: 0,735), CMS (0,531), EGG (0,376) e CA (0,362). EGS apresentou correlação positiva com pesos (PI: 0,407 e PF: 0,368) e EGG (0,544), enquanto que EGG apresentou correlação positiva com pesos (PI: 0,374 e PF: 0,353), EGS (0,544) e AOL (0,376). Muitas das características estudadas se diferem do apresentado na literatura para machos, o que pode ser justificado pelo fato de que machos apresentam taxa de deposição de tecido muscular superior à das fêmeas, enquanto que a deposição de tecido adiposo é mais tardia. Pela primeira vez são apresentados dados de correlação entre essas características em fêmeas da raça Caracu, o que permite iniciar a construção do conhecimento sobre como essas características se comportam nesses animais.

Palavras-chave: *Bos taurus taurus*; consumo; ultrassonografia.

Agradecimentos: FAPESP (18/19216-7, 19/10438-0 e 20/03699-9), CAPES/PNPD e CNPq.



INFLUÊNCIA DO COMPORTAMENTO INGESTIVO DE ÁGUA E RAÇÃO NO CONSUMO DE MATÉRIA SECA E GANHO MÉDIO DIÁRIO EM BOVINO DE CORTE

Ana Claudia de Freitas^{1*}; Luana Lelis Souza²; Natalya Gardezani Abduch¹;
Rafael Medeiros O. Silva³; Claudia C. Paro de Paz¹; Nedenia Bonvino
Stafuzza¹

¹Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP. ³Zoetis, São Paulo, SP. *anafreitas.unesp@gmail.com

De origem europeia e presente no Brasil desde o período colonial, a raça Caracu é considerada um patrimônio da pecuária nacional por sua rusticidade adquirida ao longo dos anos. Por se tratar de uma importante raça crioula, pesquisas que visem a seleção genética desses animais, alinhados às necessidades por maior produtividade, rentabilidade e sustentabilidade na atividade agropecuária se fazem necessários. Nesse contexto, a alimentação dos animais representa uma importante variável dentro do sistema de produção e fatores como eficiência na utilização dos alimentos, perfil metabólico e comportamento ingestivo, auxiliam na busca por animais mais eficientes e produtivos. Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar a influência do comportamento ingestivo de água e ração (consumo, tempo de consumo, tempo de permanência no cocho/bebedouro, número de visitas ao cocho/bebedouro com consumo e número de visitas ao cocho/bebedouro sem consumo) no consumo de matéria seca (CMS) e ganho médio diário (GMD) de bovinos Caracu. Os dados foram coletados de 43 fêmeas e 61 machos contemporâneos, com idade entre 12 e 15 meses, submetidos a 70 dias válidos de teste de eficiência alimentar em cochos eletrônicos Intergado®. As análises foram realizadas com o PROC GLIMMIX do software SAS (SAS Institute, Cary, NC, EUA). O efeito do consumo de ração ($P < 0,0001$), tempo de consumo de ração ($P < 0,005$), tempo de permanência no cocho ($P < 0,005$) e número de visitas ao cocho com consumo ($P < 0,005$) e o sexo ($P < 0,0001$) foram significativos para o CMS, onde os machos consumiram em média $0,567 \pm 0,032$ kg a mais do que as fêmeas. Já para o GMD, apenas o efeito do consumo de ração ($P < 0,0001$) e sexo ($P < 0,0001$) foram significativos, onde os machos consumiram em média $0,400 \pm 0,033$ kg a mais que as fêmeas. Todas as características de comportamento ingestivo de água não apresentaram efeito significativo para CMS e GMD, o que sugere que a ingestão de água não influencia essas características. O conhecimento dos padrões de comportamento ingestivo podem nortear a adequação de práticas de manejo alimentar para a obtenção de melhor desempenho produtivo do rebanho.

Palavras-chave: *Bos taurus taurus*; Caracu; sexo.

Agradecimentos: FAPESP (18/19216-7, 20/03699-9 e 19/10438-0), CAPES/PNPD e CNPq.



META-ANÁLISE EM ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE DE PESOS EM DIFERENTES IDADES EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Ester Ferreira Felipe^{1*}; Natascha Almeida Marques da Silva²; Cleslei Alisson Silva¹

¹Universidade Estadual Paulista. ²Universidade Federal de Uberlândia. *E-mail do autor apresentador: esterferreiraf@live.com

Na literatura existe uma grande variedade de artigos que tratam sobre a herdabilidade das características de crescimento de bovinos de corte. Nesses estudos a estimativa da herdabilidade apresenta uma grande variação entre os artigos. Mediante isso, um estudo de meta-análise é importante para melhor se entender sobre a herdabilidade dessas características de crescimento e obter um valor estimado de herdabilidade baseado em vários estudos conjuntamente. Este trabalho teve como objetivo realizar uma meta-análise para as herdabilidades de peso ao nascimento (PN), peso à desmama (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PS) e obter a estimativa da herdabilidade dessas características. Foram selecionados 65 trabalhos, um total de 215 estimativas de herdabilidade, sendo 29 estimativas de herdabilidade de PN, 74 de PD, 36 de PA e 76 de PS. Para PD e PS foram utilizados dados de animais com 205 a 240 dias de idade e com 450 a 550 dias de idade, respectivamente, que são consideradas idades padrões nos trabalhos coletados. Dos dados coletados dos trabalhos selecionados foi obtida a estimativa combinada da herdabilidade ($\hat{h}_+^2$). Essa estimativa foi obtida através do seguinte modelo de efeito aleatório: $\hat{h}_i^2 = \hat{h}_+^2 + \varepsilon_i + e_i$, em que $\hat{h}_i^2$ é o valor estimado da i-ésima herdabilidade de determinada característica; $\hat{h}_+^2$ é o valor da estimativa combinada das herdabilidades; ε_i é o erro aleatório ($\varepsilon_i \sim N(0, \tau^2)$); e_i é o erro aleatório ($e_i \sim N(0, s_i^2)$) em que $\hat{h}_+^2 = \sum_{i=1}^k w_i \hat{h}_i^2 / \sum_{i=1}^k w_i$, sendo $w_i = 1/(\hat{s}_i^2 + \tau^2)$. O τ^2 , que é a variância entre os estudos, foi estimado pelo método de máxima verossimilhança restrita e o desvio padrão combinado, associado a herdabilidade combinada ($\hat{h}_+^2$), foi estimado através da seguinte fórmula: $s_+ = \sqrt{1/\sum_{i=1}^k (1/w_i)}$. As herdabilidades combinadas de PN, PD, PA e PS estimadas por esse trabalho foram de 0,35, 0,24, 0,31 e 0,39, respectivamente, que são consideradas herdabilidades moderadas a altas. Esses resultados corroboram com a maioria dos resultados da literatura. Portanto, o PN, PD, PA e PS podem ser utilizadas como critérios de seleção pelos produtores para obtenção de expressivo progresso genético para tais características da raça Nelore.

Palavras-chave: estimativa combinada, herdabilidade, meta-análise, peso.



CRESCIMENTO DE PORCOS MOURA EM SISTEMA SEMI-INTENSIVO AO AR LIVRE

Bruna C Mainheriche^{1,2}; Marson B Warpechowski^{2*}; Juliana S Brum²;
Giovanna M Rios²; Edipo C Fortes²; Charles O Novinski²; Sergio J da Cruz²;
Ana B M Borges²

¹Iniciação Científica Voluntária. ²Universidade Federal do Paraná. *marson@ufpr.br

A UFPR conserva a raça Moura em sistema semi-intensivo ao ar livre, na Fazenda Experimental do Canguirí, em Pinhais, PR. O plantel médio é de 4 cachorros e 8 porcas, tanto de linhagens remanescentes recuperadas de criações in situ da Região Sul do Brasil, quanto misturas de linhagens mantidas na EMBRAPA CNPSA. As renovações são feitas no final da vida útil dos reprodutores, que são mantidos pelo maior tempo possível. A criação é feita em piquetes rotacionados de pastagem, alguns com frutíferas, e recebem alimentação com descarte de hortifrutigranjeiros, além de produção própria de milho crioulo e abóbora, e quantidade variável de rações completas (inicial, crescimento, terminação e lactação), formuladas sem adição de aminoácidos e sem aditivos. Castração e moesa são feitos nos primeiros dias de vida, e o desmame com 35 dias, sem mais manejos. Vermífugos, antibióticos e demais medicamentos são de uso ocasional e aplicados individualmente, sob receita veterinária, quando necessário. De cada ninhada, de zero a dois machos sem defeitos raciais ou morfológicos são mantidos inteiros. São criados em lotes de 2 a 8 animais, o registro zootécnico é individual e os produtos normalmente são pesados com intervalo de 7 a 15 dias. Para análise do efeito parental e de sexo sobre o crescimento, foram selecionados os nascidos em 2018 e 2019, com pelo menos 6 pesagens distribuídas entre o desmame e 210 dias de idade, resultando em banco de dados com 2632 informações de peso e idade, de 181 porcos, sendo 17 machos inteiros (MI), 70 machos castrados (MC) e 94 fêmeas (F), frutos de 28 ninhadas da combinação de 5 cachorros com 12 porcas. O peso médio foi de 8,25 $\pm$ 1,8 aos 35 dias e 80,1 $\pm$ 10,4 kg aos 210 dias de idade. O ganho de peso médio diário (GMD, g/dia) foi calculado por regressão linear (peso x idade), considerando os efeitos individuais de Sexo, Pai, Mãe e da combinação Pai+Mãe. O Efeito de linhagem parental dentro de cada sexo foi avaliada por ANOVA em GLM, incluindo o peso de desmame. As curvas apresentaram comportamento linear ($r^2 > 95\%$), com efeitos significativos de todos os fatores testados ($P < 0,01$). O GPMD ajustado foi maior para MI (445) do que para F (432) e MC (428), e variou de 413 a 467 devido ao Pai, e de 384 a 453 devido à Mãe, e de 374 a 486 para as 21 combinações de Pai e Mãe avaliadas. O uso das informações para programas de melhoramento genético dependem do estudo das relações do ganho de peso com qualidade da carne, rusticidade e eficiência alimentar dessa raça no sistema estudado.

Palavras-chave: raça crioula, variabilidade genética, seleção.

Agradecimentos: Aos demais alunos que participam do projeto. Ao programa CAPES-PNPD



HERDABILIDADE E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS GUZERÁ SOB SELEÇÃO

Júlia P. S. Valente^{*1}; Bárbara M. Nascimento¹; Hendyel A. Pacheco²; Joslaine N. S. G. Cyrillo³, Sarah F. M. Bonilha³, Rodrigo A. Teixeira⁴, Laila T. Dias⁴

¹ Discente do PPG em Zootecnia, UFPR, Curitiba/PR.

² Discente da Universidade de Wisconsin-Madison, Madison/WI.

³ Pesquisadora do Instituto de Zootecnia, Sertãozinho/SP.

⁴ Docente do Depto de Zootecnia e do PPG em Zootecnia, UFPR.

^{*}juliadepaulasoesvalente@gmail.com.

A tendência genética é uma das ferramentas usadas para acompanhar a evolução dos rebanhos participantes dos programas de melhoramento genético, pois mostra o aumento ou a redução dos valores genéticos de determinada característica ao longo dos anos (Bolígon et al., 2006). Dessa forma, é possível analisar o progresso genético do rebanho e guiar ações futuras que contribuam para que os rebanhos atinjam os objetivos de seleção (Euclides Filho et al., 1997). O objetivo do presente estudo foi estimar os coeficientes de herdabilidade e as tendências genéticas para peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias (P120), peso aos 210 dias (P210), ganho de peso do nascimento aos 120 dias (G120) e ganho de peso do nascimento aos 210 dias (G210) de animais do rebanho Seleção da raça Guzerá, nascidos entre 1985 e 2018, pertencentes ao Instituto de Zootecnia, Sertãozinho-SP. Foram usados registros de 1.893, 1.849, 1.847, 1.846 e 1.847 para PN, P120, P210, G120 e G210, respectivamente. Os grupos contemporâneos (GC) foram formados pelas variáveis: sexo, mês e ano de nascimento do animal, com no mínimo cinco animais por grupo. Os coeficientes de herdabilidade e valores genéticos foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), pelo programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). No modelo estatístico foram considerados, como fixo, o efeito do GC, como covariável, os efeitos linear e quadrático de idade da vaca ao parto e, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno e ambiente permanente materno. Os coeficientes de herdabilidade foram 0,42; 0,27; 0,22; 0,20; 0,20, respectivamente. As tendências genéticas foram estimadas pela regressão das médias dos valores genéticos do ano de nascimento do animal e foram iguais a 0,019 kg ano⁻¹(PN), 0,074 kg ano⁻¹(P120), 0,171 kg ano⁻¹(P210), 0,097 kg ano⁻¹(G120) e 0,152 kg ano⁻¹(G210), com $p < 0,05$. Os resultados obtidos permitem inferir que, como as características respondem à seleção direta, as mudanças genéticas para as características P120, P210, G120 e G210 foram positivas, sinalizando que os critérios de seleção adotados ao longo dos 33 anos foram favoráveis para as características estudadas, exceto para PN, em que o aumento de peso do neonato não é desejável, pois pode aumentar os problemas de partos distócicos.

Palavras-chave: bovinos de corte, parâmetros genéticos, seleção

Agradecimentos: À CAPES pela bolsa de estudos e ao Instituto de Zootecnia pela concessão dos dados.



ANÁLISE DE FATORES EM CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE VACAS DA RAÇA HOLANDESA

Pablo Dominguez-Castaño^{1,2}; Jeisson Alexander León Rubio¹; Ricardo Antônio da Silva Faria²; Alejandro Santa Restrepo³; Lenira El Faro⁴; Josineudson Augusto II De Vasconcelos Silva^{5,2}

¹Facultad de Medicina Veterinaria, Fundación Universitaria Agraria de Colombia-UNIAGRARIA, Bogotá, Colombia. ²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista-UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil. ³Laboratorio VECOL S.A., Bogotá, Colômbia ⁴Instituto de Zootecnia (IZ), Nova Odessa, SP, Brasil. ⁵Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil.
*leon.jeisson@uniagraria.edu.co

A análise multivariada de fatores é uma técnica estatística exploratória, que permite conhecer a inter-relação das variáveis, a partir da ordenação de forma decrescente com base na variância (autovalor) de novas variáveis latentes denominadas fatores, permitindo estabelecer as variáveis que retêm maior variação do conjunto de dados. O objetivo deste trabalho é determinar a estrutura de associação e identificar as características que representam a maior parte da variação fenotípica das variáveis reprodutivas em bovinos da raça Holandesa. Foram utilizados registros de 5.217 fêmeas (primíparas e multíparas), nascidas entre 1993 e 2011, pertencentes à fazenda Agrindus S.A. localizada no estado de São Paulo em Brasil. As características reprodutivas avaliadas foram: intervalo de partos ao primeiro cio (I1C), intervalo de partos à última cobertura (IUC), intervalo de partos (IP) e tempo de gestação (DG). A análise fatorial multivariada foi realizada e os fatores foram rotacionados utilizando o método ortogonal VARIMAX. A análise agrupou as quatro variáveis em três fatores latentes, retraindo aproximadamente 99% da variabilidade do conjunto de dados original. O primeiro fator agrupou as características IUC e IP, indicando associação entre estas variáveis e retraindo 49% da variância total. O segundo fator explica 25% da variância do conjunto de dados e está representado pela característica DG. O terceiro fator está fortemente associado ao I1C, explicando 25% da variação dos dados. O uso da análise fatorial separou as características estudadas em três fatores, interpretados como indicadores de atividade reprodutiva, gestação e início da atividade reprodutiva, respectivamente. A maior parte da variabilidade do conjunto de dados está fortemente associada com o primeiro fator, representado pelas características IUC e IP. As variáveis DG e I1C mostraram independência quanto à expressão fenotípica do conjunto de variáveis analisadas por estarem associadas cada uma delas a um fator diferente.

Palavras-chave: correlação; estatística multivariada; gado de leite; reprodução

Agradecimentos: Os autores agradecem a fazenda Agrindus S.A. por compartilhar os dados para o desenvolvimento da pesquisa.



TENDÊNCIA DE COMPONENTES GENÉTICOS ASSOCIADOS À TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO PARA PESO AO NASCIMENTO DE BOVINOS BRAFORD E BRANGUS

Mariana Stucki Alves¹; Deise Mescua Zuim¹; Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Joel Alves da Silva¹; Vanerlei Mozaquatro Roso²; Rodrigo Junqueira Pereira¹; Annaiza Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Gensys. *E-mail: marianastucki@gmail.com.

A avaliação do impacto do estresse térmico no final da gestação é questão relevante pois pode ter consequências para o desempenho futuro da progênie. Devido a intensa seleção praticada para maior desempenho ponderal de bovinos de corte, é interessante que haja o acompanhamento tanto do progresso genético para o nível produtivo bem como para a resposta ao estresse térmico. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar as tendências de componentes genéticos associados à tolerância ao estresse térmico para peso ao nascimento (PN) de bovinos Braford e Brangus. Os dados foram referentes a 99.272 animais da raça Braford e 88.984 da raça Brangus nascidos entre 1983 e 2017 em fazendas do sul, sudeste e centro-oeste do Brasil. O ITU foi calculado sobre os últimos 80 dias de gestação de cada animal. Um modelo animal de norma de reação linear foi aplicado aos dados considerando os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, composição racial, heterozigose, idade da vaca ao parto (linear e quadrático) e os efeitos aleatórios de animal e materno (regredidos sobre ITU), ambiente permanente materno e residual. Os valores genéticos médios para o intercepto das normas de reação do PN entre os anos de 1993 a 2017 exibiram tendência de incremento na ordem de 0,025 e 0,013 kg/ano ($P < 0,001$), nas raças Braford e Brangus, respectivamente. Essas tendências refletem, pelo menos em parte, a seleção com ênfase em características de crescimento nessas populações. Entretanto, esse cenário deve ser visto com precaução, pois no longo prazo não estão descartados maiores problemas de partos distócicos devido ao alto PN dos bezerros. As tendências genéticas para a inclinação das normas de reação foram de -0,008 kg/ano ($P < 0,001$) para Braford e não diferentes de zero para Brangus. Esses resultados indicam que a população Braford tende a responder com redução no PN a aumentos nos valores de ITU enquanto Brangus tem sido indiferente. A resposta ao estresse térmico com menor PN pode ter consequências importantes para o desempenho futuro dos animais sendo recomendável o acompanhamento das tendências dos componentes genéticos associados à tolerância ao estresse térmico dos animais. A avaliação genética e identificação de indivíduos geneticamente termotolerantes pode constituir uma alternativa interessante para programas de melhoramento genético de bovinos Braford e Brangus.

Palavras-chave: bovinos de corte; norma de reação; tendência genética.

Agradecimentos: à Gensys e ao INMET/BDMEP pela cessão dos dados e ao CNPq pelo apoio financeiro (processo: 422618/2018-7).



ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS DE CARÇA MEDIDAS POR ULTRASSONOGRAFIA E ESCORES VISUAIS NAS RAÇAS BRAFORD E BRANGUS

Deise Mescua Zuim¹; Mariana Stucki Alves¹; Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Joel Alves da Silva¹; Mario Luiz Piccoli²; Rodrigo Junqueira Pereira¹; Annaiza Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Gensys. *E-mail: deisemescuazuim@gmail.com.

Com o aumento da demanda por produtos de qualidade, há a necessidade crescente que programas de melhoramento incluam como critério de seleção características relacionadas à qualidade da carne. A seleção para melhorar a qualidade da carcaça pode ser feita por meio de características mensuradas no animal vivo, como escores visuais ou ainda por ultrassonografia. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi estimar as associações genéticas entre os escores visuais e as características avaliadas por meio de ultrassonografia nas raças Braford e Brangus. As características analisadas foram área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), escores visuais de conformação (C), precocidade (P), e musculosidade (M) avaliadas por volta dos 420 e 550 dias de idade. Os dados foram referentes a 385.627 animais da raça Braford e 365.261 Brangus, nascidos entre os anos de 1974 e 2017, pertencentes a fazendas brasileiras situadas nos estados de Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Paraná, Rio Grande do Sul e São Paulo. As estimativas de herdabilidade obtidas foram de moderada magnitude para AOL (0,23 a 0,27) e baixas para EGS (0,07 a 0,16), sustentando a possibilidade de favorável resposta à seleção, especialmente AOL. As correlações genéticas mais favoráveis encontradas foram entre P550 e AOL (0,39 a 0,51) e entre M550 e AOL (0,32 a 0,41) para Braford. Já para Brangus foram entre P550 e AOL420 ou AOL550 (0,56) e entre M550 e AOL (0,17 a 0,51). As estimativas de correlação genética entre EGS e P550 foram positivas e de moderada a alta magnitude para Braford (0,33 a 0,58) e Brangus (0,26 a 0,61). Esses resultados indicam que as características de carcaça avaliadas por meio de ultrassonografia e os escores visuais, particularmente P e M mensurados por volta dos 550 dias de idade, são controladas em parte pelos mesmos genes. Assim, a adoção dos escores visuais P e M como critério de seleção pode contribuir de forma modesta, porém positiva e barata para a qualidade da carcaça de bovinos Braford e Brangus.

Palavras-chave: carcaça; correlação; precocidade.

Agradecimentos: À Gensys pela cessão do banco de dados.



ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA MEDIDAS POR ULTRASSONOGRAFIA, CRESCIMENTO E REPRODUÇÃO NAS RAÇAS BRAFORD E BRANGUS

Deise Mescua Zuim¹; Mariana Stucki Alves¹; Joel Alves da Silva¹; Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Vanerlei Mozaquatro Roso²; Rodrigo Junqueira Pereira¹; Annaiza Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Gensys. *E-mail: deisemescuazuim@gmail.com.

As características de desenvolvimento ponderal têm constituído os principais critérios de seleção de bovinos de corte. A cada dia novas características são agregadas aos programas de melhoramento com o intuito de melhorar a qualidade do produto final e os índices reprodutivos. Assim, o presente estudo foi conduzido com o objetivo de estimar a associação genética entre área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) com o ganho em peso médio diário da desmama ao sobreano (GDS), perímetro escrotal (PE), ambos avaliados por volta dos 420 e 550 dias de idade, e dias para o primeiro parto (DPP) de bovinos Braford e Brangus. Os animais nasceram entre os anos de 1974 e 2017 em fazendas situadas em seis estados brasileiros. Os números de fenótipos analisados foram de 10.596 e 4.435 para AOL, 10.519 e 4.374 para EGS, 123.103 e 120.679 para GDS, 41.892 e 53.722 para PE e 58.568 e 46.084 para DPP de Braford e Brangus, respectivamente. Correlações genéticas de baixa magnitude foram estimadas entre AOL e GDS em Braford (-0,17 a 0,13) e Brangus (-0,09 a 0,20) sugerindo que essas características são controladas em grande parte por grupos de genes diferentes. Para EGS e GDS, a correlação genética foi diferente em Braford (-0,26 a 0,06) e Brangus (0,00 a 0,39). Esses resultados indicam que a seleção para maior GDS, principalmente por volta dos 550 dias de idade, pode contribuir para aumentar a EGS no Brangus. As associações genéticas entre PE e AOL foram de baixa magnitude, no entanto mais fortes quando o PE foi mensurado por volta dos 550 dias para Braford (0,12 a 0,30) e Brangus (0,13 a 0,14). Entre PE e EGS, as correlações genéticas variaram de -0,12 a -0,09 para Braford e de -0,11 a 0,33 para Brangus. Esses achados sugerem pequeno efeito de genes pleiotrópicos e que a seleção para PE deve levar a pequena mudança em EGS e AOL. Houve evidência de um relacionamento genético favorável de DPP com AOL (-0,22 a -0,12) e EGS (-0,26 a -0,22) em diferentes idades em bovinos Braford, o mesmo não foi observado para Brangus para AOL (0,03 a 0,29) e EGS (0,04 a 0,57). A seleção para maior AOL e EGS pode, no longo prazo, contribuir favoravelmente para a redução de DPP em bovinos Braford. Tendo em vista as diferenças de estimativas de correlação genética entre raças e idades de mensuração dos animais, é necessário o desenvolvimento de estratégias de seleção específicas para cada caso.

Palavras-chave: carcaça; gado de corte; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: À Gensys pela cessão do banco de dados.



INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE DEVIDO AO ESTRESSE TÉRMICO NO FINAL DA GESTAÇÃO SOBRE O PESO AO NASCIMENTO DE BOVINOS BRAFORD E BRANGUS

Mariana Stucki Alves¹; Deise Mescua Zuim¹; Joel Alves da Silva; Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Roberto Carneiro²; Rodrigo Junqueira Pereira¹; Annaiza Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Universidade Estadual Paulista (UNESP-FCAV). *E-mail: marianastucki@gmail.com.

O efeito do estresse térmico nas características de produção tem sido amplamente estudado em bovinos. O estresse térmico sofrido por fêmeas no período gestacional pode comprometer a nutrição embrionária, o desenvolvimento fetal e placentário, reduzir a gestação e prejudicar o desempenho pós-natal dos bezerros. Com isso, objetivou-se neste estudo estimar parâmetros genéticos associados ao estresse térmico durante o final da gestação para peso ao nascimento (PN) de bovinos Braford e Brangus. Os dados foram referentes a 77.663 animais Braford e 52.406 Brangus nascidos entre 1974 e 2017. O índice de temperatura e umidade (ITU) médio foi calculado sobre os últimos 80 dias de gestação de cada animal. Os parâmetros genéticos foram obtidos por meio de um modelo animal de norma de reação linear que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, composição racial, heterozigose, idade da vaca ao parto (linear e quadrático) e os efeitos aleatórios de animal e materno (regredidos sobre ITU), ambiente permanente materno e residual. As estimativas de correlação genética entre o intercepto e a inclinação das normas de reação para o efeito direto foram de -0,21 (0,05) e 0,02 (0,07) para Braford e Brangus, respectivamente. Essas estimativas indicam um antagonismo genético entre nível de produção e resposta ao estresse térmico para PN em bovinos Braford. Já para a raça Brangus esses componentes parecem ser independentes. Foi observada considerável variação genética para a resposta ao estresse térmico em ambas populações estudadas, com razão inclinação-intercepto das normas de reação de 0,42 para Braford e 0,35 para Brangus. Esses achados caracterizam interação genótipo ambiente devido ao estresse térmico no terço final da gestação como uma fonte importante de variação para o PN. As estimativas de herdabilidade para o efeito direto variaram substancialmente ao longo da escala de valores de ITU para Braford (0,31 a 0,58) e Brangus (0,26 a 0,45), com tendência de menores estimativas em ITUs mais altos. Portanto, a resposta à seleção para PN será provavelmente diferente dependendo dos valores de ITU no período final da gestação. Neste sentido, a interação genótipo ambiente devido ao estresse térmico é um fator importante a ser considerado nos programa de melhoramento genético de bovinos Braford e Brangus.

Palavras-chave: interação genótipo x ambiente; norma de reação; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: À Gensys e ao INMET/BDMEP pela cessão dos dados e ao CNPq pelo apoio financeiro (processo: 422618/2018-7).



AVALIAÇÃO GENÉTICA PARA DISPLASIA COXOFEMORAL EM CANINOS DA RAÇA BOIADEIRO BERNÊS

Rodrigo Leivas Nunes¹, Suzana Cardoso de Vargas¹, Giovane Krebs¹, Fabiana Michelsen de Andrade¹, Jaime Araújo Cobuci¹, Karine Aparecida Rodrigues de Souza¹; Alexandra Fabielle Pereira Viana¹;

¹Grupo de Pesquisa MegaGen, Universidade Federal do Rio Grande do Sul; e-mail: rodrigo.nunes@ufrgs.br

O Brasil conta com 54,2 milhões de caninos domiciliados, com um mercado PET que movimentou R\$ 34,4 bilhões em 2018. A criação de cães tem cada vez mais espaço nos lares e surge a necessidade de acompanhamento técnico especializado para lidar com questões como doenças com influência genética. No entanto, o melhoramento genético é praticamente inexplorado no país para esta espécie. A prevalência de displasia coxofemoral (DCF), que é alta principalmente em cães de grande porte, pode ser diminuída através do uso de tecnologias de melhoramento genético, promovendo assim uma melhoria na qualidade de vida dos animais. A escolha de reprodutores pelo de valores genéticos (VG) é um importante recurso ainda não utilizado para caninos no Brasil. No presente trabalho, a raça investigada foi o Boiadeiro Bernês, devido a DCF ser a principal doença com influência genética que afeta a raça e por possuir Clube de Criadores do Boiadeiro Bernês (CBBB) com um bom quantitativo de registro de dados disponíveis online. Desta forma, dados de raio-X de 186 animais de 17 criadores do CBBB foram utilizados como base da pesquisa. As categorias de A a E utilizadas para a classificação do raio-X coxofemoral foram transformadas em escores de 1 (A) a 5 (E). Com a incorporação das informações de genealogia disponíveis no site ingrus.net foram traçadas cinco gerações de ancestrais para esses cães, totalizando 1.692 animais no pedigree. Os VGs foram preditos através de modelo animal via metodologia das Equações de Modelos Mistos e uso do software REMLF90. Esse modelo incluiu efeitos aleatórios (aditivo de animal e resíduo) e fixos (sexo do animal, país e ano de nascimento, como covariável com termo linear). Os VGs variaram entre -0,0143591 e 0,0743261, indicando existir variabilidade genética suficiente para seleção de reprodutores para DCF. Os valores negativos estão relacionados a melhores méritos genéticos para DCF, enquanto valores positivos a piores méritos genéticos. Um total de 806 cães tiveram VG negativos, indicando serem bons reprodutores para meta da redução da DCF. Confirmada a possibilidade de obtenção de VGs para DCF na população brasileira de cães, seria indicado expandir a avaliação genética incluindo dados de outros Criadores de maneira a aumentar a representativa da raça e assim contribuir com uma criação mais sustentável em termos de bem-estar animal, em virtude da possibilidade de adoção dos VGs como um dos critérios de escolha de reprodutores.

Palavras-chave: valor genético; bem-estar animal; método REML

Agradecimentos: CAPES (código de financiamento 001) e CNPq pelo fornecimento de bolsas



TENDÊNCIA DE COMPONENTES GENÉTICOS ASSOCIADOS À TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO PARA GANHO EM PESO PRÉ-DESMAMA DE BOVINOS BRAFORD E BRANGUS

Joel Alves da Silva¹; Mariana Stucki Alves¹; Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Deise Mescua Zuim¹; Mario Luiz Piccoli²; Rodrigo Junqueira Pereira¹; Annaiza Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Gensys. *E-mail: joel.alveszootecnia@gmail.com.

As tendências genéticas permitem visualizar a eficiência dos procedimentos de seleção e assegurar que a pressão de seleção seja direcionada para as características de importância econômica, além de auxiliar na definição dos objetivos de seleção. A avaliação dos impactos do estresse térmico no final da gestação é questão relevante pois pode ter consequências para o desempenho futuro da progênie. Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar as tendências de componentes genéticos associados à tolerância ao estresse térmico para ganho em peso médio diário pré-desmama (GP) de bovinos Braford e Brangus. Os dados foram referentes a 99.272 animais da raça Braford e 88.984 da raça Brangus nascidos entre 1983 e 2017 em fazendas do sul, sudeste e centro-oeste do Brasil. O índice de temperatura e umidade (ITU) foi calculado sobre os últimos 80 dias de gestação de cada animal usando a seguinte fórmula: $ITU = (1,8 \times T + 32) - (0,55 - 0,0055 \times UR) \times (1,8 \times T - 26)$, em que T é a temperatura em graus Celsius e UR a umidade relativa do ar. Um modelo animal de norma de reação linear foi aplicado aos dados considerando os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, composição racial, heterozigose, idade à desmama, idade da vaca ao parto (linear e quadrático) e os efeitos aleatórios de animal (regredido sobre ITU), materno (regredido sobre ITU), ambiente permanente materno e residual. Os valores genéticos médios para intercepto das normas de reação (nível de produção) do GP entre os anos de 1993 e 2017 aumentaram na ordem de 0,00059 e 0,00040 kg/dia/ano ($P < 0,001$) nas raças Braford e Brangus, respectivamente. Essas tendências indicam que seleção de animais com maior velocidade de crescimento tem sido bem-sucedida em ambas as raças. A tendência genética para a inclinação das normas de reação (resposta específica ao ambiente) foi não diferente de zero para Braford e de -0,00016 kg/dia/ano ($P < 0,001$) Brangus. Neste sentido, para bovinos Braford, a seleção para melhor desempenho ponderal parece não ter prejudicado a capacidade genética de responder ao estresse térmico. Em contraste, bovinos Brangus têm reduzido a velocidade de crescimento como resposta ao estresse térmico durante o final da gestação. Neste sentido, são recomendáveis cuidados para atenuar o estresse térmico nos animais assim como a seleção de animais geneticamente termotolerantes.

Palavras-chave: gado de corte; interação genótipo ambiente; norma de reação.

Agradecimentos: À Gensys e ao INMET/BDMEP pela cessão dos dados e ao CNPq pelo apoio financeiro (processo: 422618/2018-7).



CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS DE TOUROS DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS SUBMETIDOS A PRESENÇA E AUSÊNCIA DE SOMBRA NO CENTRO-OESTE DO BRASIL

Eleonora Araujo Barbosa^{1,2*}; Paula Lorena Granjeira Souto¹; Heitor Castro Alves Teixeira¹; Renato dos Santos¹; Helton Freires Oliveira³; Maria Clorinda Soares Fioravante³; Normandes Vieira Nascimento⁴; Alexandre Floriani Ramos⁴

¹ Universidade de Brasília. ² Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada. ³ Universidade Federal de Goiás. ⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *eleonora.araujo@ufrpe.br

A tolerância ao calor é uma das características desejáveis em bovinos criados em regiões de clima tropical. Visando avaliar a tolerância ao calor de raças taurinas localmente adaptadas, reprodutores das raças Curraleiro Pé-Duro, Pantaneiro, Crioulo Lageano e Nelore (zebuína) foram mantidos em baias com ou sem fornecimento de sombra durante o verão na região Centro Oeste do Brasil. Para isso cinco reprodutores de cada raça com idade entre quatro e seis anos foram divididos em lotes com 4 animais, sendo um de cada raça por lote, onde três lotes permaneceram sem acesso a sombra e dois lotes tiveram acesso a 25m² de sombra por animal fornecidas por sombrite 90%. Os animais foram avaliados mensalmente no período matutino e vespertino, para frequência respiratória (FR) (nº de movimentos respiratórios/ minuto) e coleta de sangue para realização de hemograma. O Índice de Temperatura e Umidade durante o período experimental variou entre 70,3 e 74,2. A FR no período matutino se encontrava entre 18 a 34 mov/min, já no período vespertino variou de 30 a 50 mov/min; o número de leucócitos variou entre 7,05 e 14,45 no período matutino, e 8,75 a 15,90 no período vespertino; o número de neutrófilos segmentados variou de 1.251 a 6.084 pela manhã, e 2.577 a 9.031 pela tarde; já os monócitos encontravam-se entre 296 a 2.308 no período matutino e 216 a 1.973 no período vespertino. Apesar de apresentarem leucograma e frequência respiratória (FR) um pouco acima da faixa esperada para a espécie, não houve diferença significativa ($P>0,05$), entre as raças, tratamentos e períodos. As raças estudadas mostraram boa tolerância ao calor apresentado no período estudado, sugerindo que as raças taurinas localmente adaptadas possuem capacidade de adaptação ao calor de forma semelhante ao Nelore, que é uma raça zebuína bastante utilizada em sistemas produtivos tropicais.

Palavras-chave: estresse; hemograma; parâmetros fisiológicos.

Agradecimentos: À Capes pela concessão da bolsa e ao CNPq pelo apoio financeiro a pesquisa.



CARACTERÍSTICAS DO SÊMEN CONGELADO DE TOUROS DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS SUBMETIDOS A PRESENÇA E AUSÊNCIA DE SOMBRA NO CENTRO-OESTE DO BRASIL

Eleonora Araujo Barbosa^{1,2*}; Paula Lorena Granjeira Souto¹; Heitor Castro Alves Teixeira¹; Renato dos Santos¹; Normandes Vieira Nascimento³; Alexandre Floriani Ramos³

¹ Universidade de Brasília. ² Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada ³ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
*eleonora.araujo@ufrpe.br

O Brasil apresenta clima tropical na maioria de seu território, e este clima é grande influenciador nas características produtivas e reprodutivas dos animais de produção. Algumas raças são mais resistentes a influência negativa das altas temperaturas sobre as características seminais. Sendo assim, objetivou-se avaliar o efeito do fornecimento ou não de sombra a touros de três raças taurinas localmente adaptadas (Curraleiro Pé-Duro, Pantaneiro e Crioulo Lageano) e uma raça zebuína (Nelore), durante o verão na região Centro Oeste do Brasil, sobre a qualidade do sêmen congelado. Cinco reprodutores de cada raça com idade entre quatro e seis anos foram divididos em lotes com 4 animais, sendo um de cada raça por lote, onde três lotes permaneceram sem acesso a sombra e dois lotes tiveram acesso a 25m² de sombra por animal fornecidas por sombrite 90%. O sêmen desses animais foi coletado por eletroejaculação, processado e congelado. O sêmen congelado foi avaliado pelo método computadorizado (CASA), para os parâmetros: motilidade progressiva (100%), velocidade linear progressiva (VSL) (µm/s), frequência de batimento flagelar (BCF) (Hz). A integridade de membrana plasmática, reação acrossomal e potencial mitocondrial espermático foi avaliada pela associação das sondas fluorescentes FITC-PNA-IP-JC1. O Índice de Temperatura e Umidade durante o período experimental variou entre 70,3 e 74,2. Não houve diferença significativa ($P>0,05$) para os parâmetros de qualidade do sêmen congelado entre as raças, tratamentos e coletas. A motilidade progressiva média do sêmen congelado variou de 19 a 46%, a VSL variou de 54,32 a 67,18µm/s, a BCF variou de 27,04 a 36,75Hz enquanto células com membrana e acrossoma íntegros e alto potencial mitocondrial variou entre 29 e 54%. Não houve efeito benéfico da sombra sobre a qualidade seminal dos animais do presente estudo, entretanto todas as raças utilizadas no experimento apresentaram qualidade satisfatória do sêmen congelado, mostrando tolerância ao calor e capacidade de adaptação as condições ambientais presentes na região.

Palavras-chave: adaptação; conservação; recursos genéticos.

Agradecimentos: À Capes pela concessão da bolsa e ao CNPq pelo apoio financeiro a pesquisa.



ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA PRODUÇÃO DE MOZZARELLA EM BUBALINOS

Amanda Fernandes Sandoval¹; Isabella Silva de Carvalho¹; Alessandra Alves Silva¹; Sirlene Fernandes Lázaro¹; Gabriela Stefani¹; Daniel J. A. Santos²; Humberto Tonhati¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - Unesp Campus Jaboticabal, SP. ²Universidade de Maryland- Maryland, USA

*amanda.sandoval12@hotmail.com

A bubalinocultura leiteira e seus derivados têm crescido muito nos últimos anos no Brasil, dentre os produtos elaborados o que mais se destaca é o queijo tipo *Mozzarella*. Nesse contexto, o conhecimento dos genes associados a produção de *mozzarella* (PMZ) poderia fornecer um melhor entendimento de sua arquitetura genética. Portanto, este estudo teve como objetivo identificar genes candidatos ou regiões genômicas relacionados a PMZ, em búfalos da raça Murrah. Os dados analisados consistiram de 2.843 registros de *test-day* das primeiras lactações de 482 búfalas, controladas mensalmente entre os anos de 2013 a 2016, provenientes do programa de controle leiteiro de bubalinos do Departamento de Zootecnia da UNESP- Jaboticabal, SP. Um total de 960 animais foram genotipados utilizando o painel 90K Axiom® Buffalo (após o controle de qualidade permaneceram 45.690 SNPs). Neste contexto, um modelo de repetibilidade foi utilizado para predição dos valores genéticos, que foram desregressados e, posteriormente, utilizados como pseudo-fenótipos nas análises de GWAS. As análises de GWAS foram baseadas em duas distintas abordagens, BayesC e *single-SNP regression* (regressão em marcadores únicos). Regiões significativas em ambas as abordagens, BayesC (Bayes factor ≥ 3) e *single-SNP regression* ($p \leq 10^{-3}$) foram consideradas importantes QTL para PMZ. Assim, um total de 8 genes associados a cinco regiões de QTL localizados nos cromossomos 9 e 12 foram identificados. Os genes *PAM*, *LOC102405618*, *LOC102405384*, *LOC112587108*, *ARHGEF18* e *INSR* no BBU 9, e os genes *LOC112578244*, *LOC102393921* no BBU 12 foram considerados importantes genes candidatos para PMZ. Uma análise de redes gênicas foi conduzida para refinar os processos biológicos associados a estes genes. O gene *Peptidylglycine Alpha-Amidating Monooxygenase (PAM)* está envolvido na síntese e composição de gordura do leite, já o gene *Insulin Receptor (INSR)* está altamente relacionado com o metabolismo de lipídeos. Em muitas espécies, incluindo os bubalinos o gene *Rho/Rac Guanine Nucleotide Exchange Factor 18 (ARHGEF18)* se encontra próximo ao receptor de insulina, levando em consideração a localização altamente conservadora do *ARHGEF18* e do *INSR* esses genes detêm funções parcialmente similares, além da capacidade de interagirem fortemente entre si. Em conclusão, potenciais genes candidatos (*PAM*, *ARHGEF18* e *INSR*) associados a PMZ foram identificados, e que posteriores estudos de validação são necessários para esclarecer seu mecanismo de ação.

Palavras-chave: Búfalo, GWAS, Genes.

Agradecimentos: CAPES (Número do processo: 88887.373898/2019-00)



ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE INFESTAÇÃO DE CARRAPATOS E NÍVEIS DE INFECÇÃO POR *Babesia Bovis* EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS

Gabriela David^{1*}; Henrique Nunes de Oliveira¹; Ândrea Renata da Silva Romero¹; Rodrigo Giglioti¹; Márcia Cristina de Sena Oliveira²; Cíntia Hiromi Okino²; Cláudia Cristina Gulias Gomes³; Fernando Flores Cardoso³.

¹Unesp – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. ²Embrapa Pecuária Sudeste.

³Embrapa Pecuária Sul. *gabriela.david@unesp.br

Babesiose e Anaplasmoses são enfermidades que compõem o complexo da Tristeza Parasitária Bovina. *Babesia bovis* e *Babesia bigemina* são agentes causadores da babesiose, cujo único vetor é o *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*. Além dos prejuízos causados, o carrapato restringe a utilização de animais taurinos e os métodos existentes para seu controle têm limitações. Diferentes níveis de resistência ao carrapato e às hemoparasitoses podem ser observados entre e dentro de raças. Portanto, uma alternativa é desenvolver métodos de avaliar e selecionar animais resistentes, viabilizando a intensificação do uso de animais taurinos. No presente trabalho foram avaliados os níveis de infestação de carrapato e infecção por *B. bovis* e estimados parâmetros genéticos para ambas características, com o objetivo de auxiliar na seleção de animais mais resistentes. Foram realizadas duas contagens de carrapatos (CC) e coletas de amostras de sangue em bovinos da raça Angus de duas fazendas localizadas no Rio Grande do Sul. Foi feita a CC fixados no lado esquerdo dos animais e a quantificação do número de cópias de DNA (NC) foi realizada por meio da técnica de PCR em Tempo Real, utilizando iniciadores específicos para *B. bovis*. Após edição dos dados, restaram 598 animais com informações fenotípicas para CC e 449 para NC, as fazendas foram analisadas em conjunto. Esses animais possuíam dados genotípicos, que foram incluídos no modelo estatístico, e para obtenção dos parâmetros genéticos foi utilizado o conjunto de programas da família BLUPF90. Todos os animais apresentaram infestação por carrapato e infecção por *B. bovis*, com médias de 1,63 (CC) e 2,35 (NC). A estimativa de herdabilidade para CC foi de baixa magnitude (0,192), sugerindo que a seleção apenas pelo fenótipo pode resultar em algum progresso genético, mas trará respostas a longo prazo. Para NC a estimativa foi ainda menor (0,003), impossibilitando a identificação de animais geneticamente superiores e indicando a dificuldade em obter ganho genético. As repetibilidades estimadas foram 0,201 (CC) e de 0,04 (NC), indicando que a identificação de animais resistentes à *B. bovis* é inviável. A proximidade entre os valores estimados para herdabilidade e repetibilidade, indicam que a maior parte dos efeitos permanentes são genético aditivos e que o uso de CC repetidas no mesmo animal pode trazer ganhos importantes na seleção para a característica.

Palavras-chave: Resistência; Genômica; Hemoparasitas.

Agradecimentos: Fapesp Proc 2016/07216-7.



EFEITO DO ESTRESSE TÉRMICO DURANTE O FINAL DA GESTAÇÃO EM CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA AVALIADAS AO SOBREANO EM BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS

Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Joel Alves da Silva¹; Deise Mescua Zuim¹; Mariana Stucki Alves¹; Joanir Pereira Eler²; José Bento Sterman Ferraz²; Annaiza Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA-USP). *E-mail: volturematheus@gmail.com.

Em diversas espécies tem-se verificado que durante o período de gestação, o estresse térmico pode afetar tanto o desempenho das mães quanto de suas progênes. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo avaliar os efeitos do estresse térmico durante o período final de gestação no desempenho de bovinos de corte compostos para características de importância econômica avaliadas ao sobreano. Foram utilizados 88.094 registros de peso (PES), 32.239 de perímetro escrotal (PE) e 76.982 para altura da garupa (ALT) mensurados por volta dos 12 meses de idade. O descritor ambiental adotado foi o índice de temperatura e umidade (ITU): $ITU = (1,8 \times T + 32) - (0,55 - 0,0055 \times UR) \times (1,8 \times T - 26)$ médio calculado sobre os últimos 40 dias de gestação de cada animal. Foi aplicado um modelo fixo aos dados que incluiu os efeitos de grupo contemporâneos (fazenda, safra, grupo de manejo e sexo), composição racial, heterozigose, idade à mensuração, idade da vaca ao parto e índice de temperatura e umidade média (ITU). O ITU afetou significativamente todas as características estudadas ($P < 0,0001$). Para verificar o padrão de resposta do desempenho dos animais em função do ITU, médias de mínimos quadrados (MMQ) foram obtidas para todas as características sobre o descritor ambiental. Um modelo de regressão linear simples foi ajustado às MMQ. O ITU médio dos últimos dias de gestação comprometeu o PES (-0,986 kg/ITU, $R^2 = 90,29\%$), o PE (-0,074 cm/ITU, $R^2 = 75,10\%$) e a ALT (-0,201 cm/ITU, $R^2 = 97,63\%$) dos bovinos compostos. Considerando o intervalo de ITU observado (53 a 81 unidades), é esperado que, em média, animais que foram expostos ao ITU = 81 durante os últimos 40 dias de gestação sejam 28,06 kg mais leves e tenham 2,15 cm a menos de PE e mais baixos 5,83 cm do que animais que foram expostos a ITU = 53. Portanto, conclui-se que o estresse térmico sofrido no período final da gestação pode comprometer o desempenho ao sobreano de bovinos de corte compostos. Neste sentido, modificações ambientais e práticas de manejo específicas poderiam ser adotadas para melhorar a condição térmica dos animais. Uma alternativa viável, seria também a avaliação genética a fim de identificar e selecionar indivíduos geneticamente mais tolerantes ao estresse térmico.

Palavras-chave: estresse calórico; gado de corte; índice de temperatura e umidade.

Agradecimentos: Ao Programa Composto Tropical Montana e INMET/BDMEP pela cessão dos dados.



PARÂMETROS GENÉTICOS LIGADOS À TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO DURANTE O FINAL DA GESTAÇÃO NO GANHO DE PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS BRAFORD E BRANGUS

Matheus Gomes Rodrigues Cardoso¹; Mariana Stucki Alves¹; Joel Alves da Silva¹; Deise Mescua Zuim¹; Roberto Carneiro²; Rodrigo Junqueira Pereira¹; Annaiza¹ Braga Bignardi¹; Mário Luiz Santana Júnior¹

¹Universidade Federal de Rondonópolis (UFR). ²Universidade Estadual Paulista (UNESP-FCAV). *E-mail: volturematheus@gmail.com.

Raças zebuínas têm maior tolerância ao estresse térmico, enquanto raças europeias sofrem mais com o calor e menos com o estresse pelo frio. O estresse térmico tem sido responsável por declínio na taxa de crescimento, perda da libido e menor ganho em peso de bovinos. Durante o período gestacional o estresse térmico afeta o desempenho das vacas e dos bezerros. Dessa maneira, o desenvolvimento do feto e do neonato podem ser comprometidos em função do estresse térmico sofrido no ambiente uterino. Com isso, no presente estudo objetivou-se estimar parâmetros genéticos relacionados ao estresse térmico durante o final da gestação para ganho em peso médio diário pré-desmama (GP) de bovinos Braford e Brangus. No estudo foram utilizados 77.663 registros de GP de bovinos Braford e 52.406 de Brangus. Os animais nasceram entre os anos de 1974 e 2017. O descritor ambiental adotado foi o índice de temperatura e umidade (ITU): $ITU = (1,8 \times T + 32) - (0,55 - 0,0055 \times UR) \times (1,8 \times T - 26)$ médio calculado sobre os últimos 80 dias de gestação de cada animal. Os parâmetros genéticos foram obtidos por meio de um modelo animal de norma de reação linear que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, composição racial, heterozigose, idade à desmama, idade da vaca ao parto (linear e quadrático) e os efeitos aleatórios de animal (regredido sobre ITU), materno (regredido sobre ITU), ambiente permanente materno e residual. As estimativas de herdabilidade para o efeito direto variaram de 0,09 a 0,13 e de 0,14 a 0,28 para Braford e Brangus, respectivamente. Em ambas populações as estimativas de herdabilidade tenderam a diminuir com aumento dos valores de ITU. Portanto, a resposta à seleção para GP pode ser consideravelmente diferente dependendo dos valores de ITU no período final da gestação. As estimativas de correlação genética aditiva direta para GP entre ITUs extremos (52 vs. 77) alcançaram valores muito abaixo da unidade para Braford (0,46) e Brangus (0,19). Esses resultados permitem afirmar que os melhores animais na zona de conforto não são necessariamente os melhores geneticamente sob condições de estresse térmico durante o final da gestação. Nesse sentido, a interação genótipo x ambiente devido ao estresse térmico durante o final da gestação não deve ser negligenciada nas avaliações genéticas para GP.

Palavras-chave: interação genótipo x ambiente; ganho de peso; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: À Gensys e ao INMET/BDMEP pela cessão dos dados e ao CNPq pelo apoio financeiro (processo: 422618/2018-7).



ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA ABELHA TIÚBA (*MELIPONA FASCICULATA* SMITH, 1854 - HYMENOPTERA, APIDAE) BASEADA NO MARCADOR MOLECULAR ISSR (INTER SIMPLE SEQUENCE REPEATS)

Diego Marques Costa Silva¹; Gustavo Lucas Bezerra Tinoco^{1*}; Laelson
Rodrigues Ferreira e Ferreira¹; Hugo Almeida Ferreira¹; José de Ribamar Silva
Barros¹; Edyane Moraes dos Santos²

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Federal de São Carlos.

*gusttavolucas10@gmail.com

A abelha *Melipona fasciculata* Smith, popularmente conhecida como Tiúba, compreende as abelhas nativas e sem ferrão, usadas principalmente para a produção de mel, com uma grande predominância da espécie no Estado do Maranhão. Os marcadores moleculares vêm sendo empregados como uma importante ferramenta na conservação de espécies selvagens e/ou de interesse econômico por fornecerem dados importantes aos estudos populacionais. O objetivo desse trabalho foi o estudo da *Melipona fasciculata* através da análise da diversidade genética, com estudo do polimorfismo através do marcador ISSR antes e após o manejo (seleção) das abelhas. Foram coletadas abelhas das 32 colônias localizadas no meliponário na Universidade Estadual do Maranhão, antes e depois da seleção. Realizamos 64 extrações de DNA genômico das abelhas, sendo 32 antes da seleção e mais 32 após a seleção, baseada na metodologia da técnica descrita por Doyle & Doyle (1987), onde o DNA genômico foi obtido a partir do mesossoma das abelhas coletadas, eliminando-se as asas, cabeça e metassoma, utilizando-se 1 (um) tórax de *M. fasciculata*. Após todo o procedimento de extração, submeteu-se o DNA a eletroforese em gel de agarose 1% para a visualização do material genético e confirmação de sua extração. O material genético foi submetido a PCR com seis primers do marcador molecular ISSR. A diversidade genética foi de 0,17 antes seleção e 0,24 após a seleção. As hipóteses para explicar os baixos níveis de variabilidade genética na ordem Hymenoptera podem ser explicados pela reprodução (sistema haplodiploide), a sociabilidade e características ecológicas quem envolvem o ambiente. Na análise de variância AMOVA, foi possível verificar que a diferenciação genética ocorreu total dentro da população, o que pode ser associado ao fluxo gênico restrito desses indivíduos e o índice de fixação (F_{st}) ele se mostrou em um valor negativo de -0.0232. O agrupamento pelo método de UPGMA permitiu a formação de quatro grupos distintos, aparecendo somente dois indivíduos geneticamente distantes. O marcador ISSR se mostrou de fundamental importância para o estudo da diversidade da abelha *Melipona fasciculata* nesta população.

Palavras-chave: abelhas sem ferrão; seleção; variedade genética.

Agradecimentos: Universidade Estadual do Maranhão e a FAPEMA



AVALIAÇÃO DE ESTRESSE AMBIENTAL EM GALINHAS CAIPIRAS BRASILEIRAS VIA ASSIMETRIA FLUTUANTE

Nathanna Emanuely Martins Figueiredo¹; Amauri Arias Wenceslau¹; Ronaldo Vasconcelos Farias Filho²; Eva Clícia de Jesus Almeida³; Lorena Andrade Nunes^{4*}; André Campelo Araújo²; Paulo Barros de Abreu Junior²; Paulo Luiz Souza Carneiro²

¹Universidade Estadual de Santa Cruz. ²Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

³Faculdade Anísio Teixeira. ⁴Faculdade de Tecnologia e Ciências. nathannaemanuely@hotmail.com

A técnica de assimetria flutuante (AF) segue os princípios básicos da morfometria geométrica para medição de características discretas ou contínuas em ambos os lados do indivíduo, a fim de avaliar se o seu desenvolvimento ontogenético está sendo afetado por fatores estressores externos. O estresse em frangos pode desencadear diversos problemas, desde o canibalismo até o término prematuro da postura, afetando o bem-estar animal e sua produtividade. Desse modo, objetivou-se investigar a existência de AF na forma e tamanho da cabeça das aves nativas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneluda e Peloco e linhagem comercial Caboclo (CBC), bem como identificar se o ambiente e o sistema de criação podem ser considerados fatores estressores para as aves, com base na mensuração da AF. Foram utilizadas 263 aves, sendo 46 do grupo genético Peloco (24 machos e 22 fêmeas), 68 do grupo genético Caneluda (32 machos e 36 fêmeas), 51 da raça Canela Preta (28 machos e 23 fêmeas) e 98 da linhagem comercial CBC (53 machos e 45 fêmeas). Cada ave teve os perfis direito e esquerdo fotografados frontalmente e a partir das imagens obtidas foram plotados 13 marcos anatômicos, sendo cinco na estrutura do bico (considerando a extensão do bico desde sua inserção na crista e contorno), seis nos olhos e dois na narina utilizando-se o software tpsDig2 (ROHLF, 2017). A sobreposição de Procrustes e a Procrustes ANOVA foram realizadas com o objetivo de verificar a existência de assimetria flutuante quanto à forma e ao tamanho da cabeça nas aves de cada grupo genético submetidas a diferentes sistemas (intensivo e semi-intensivo), utilizando-se o programa MorphoJ (KLINGENBERG, 2011). As aves dos quatro grupos genéticos apresentaram AF na forma e tamanho da cabeça ($p < 0,05$), provavelmente relacionada ao estresse térmico crônico. Quanto às aves do grupo genético Peloco, verificou-se um maior nível de AF e, consequentemente, maior sensibilidade ao estresse em machos mantidos em sistema intensivo. As aves Peloco estão adaptadas à criação em sistema exclusivamente extensivo, o que pode ser considerada uma vantagem para a sua criação em pequenas propriedades, onde se dispõe de menos recursos. É importante identificar a existência de fatores estressores para que medidas de mitigação possam ser adotadas na tentativa de melhorar o bem-estar dos animais.

Palavras-chave: avicultura; galinhas nativas; morfometria geométrica.



ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA PROFUNDIDADE DE ÚBERE EM BOVINOS GIR

Larissa Graciano Braga^{1*}; Samla Marques Freire Cunha¹; Flávio Schramm Schenkel²; Tatiane Cristina Seleguim Chud²; João Cláudio do Carmo Panetto³; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil. ²Universidade de Guelph, Ontário, Canadá. ³Embrapa - Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil. *lgbragavet@gmail.com

Além de estar associada à saúde do sistema mamário, a profundidade do úbere (PU) também possui correlação genética positiva com produção de leite. Nesse estudo, o objetivo foi identificar QTL e genes candidatos associados à característica de PU em vacas Gir Leiteiro. Os registros fenotípicos (6.003) e genotípicos (em alta densidade e imputados para alta densidade) foram cedidos pela Embrapa Gado de Leite. Após o controle de qualidade, 2.729 animais e 409.488 SNP foram utilizados no estudo de associação genômica de passo único ponderado. Os valores genéticos genômicos foram convertidos em efeitos de SNP e esses foram ajustados em 2 iterações. Janelas deslizantes contendo 20 SNP adjacentes foram utilizadas e apenas aquelas que explicavam mais de 1% da variância genética aditiva foram selecionadas para a anotação de QTL e genes, usando a montagem do genoma bovino UMD3.1 e ARS-UCD1.2, respectivamente. A lista de genes candidatos foi utilizada para identificar funções biológicas (Gene Ontology (GO) e MeSH) e vias metabólicas (KEGG e WikiPathways). Cinco janelas genômicas explicaram 1,04%, 2,36%, 1,09%, 1,23%, 1,99% da variância genética aditiva da característica nos BTA5, BTA6, BTA9, BTA14 e BTA16, respectivamente. Seis genes candidatos e onze QTL foram identificados dentro das janelas. Dentre os genes anotados, o Cytochrome P450 Family 7 Subfamily B Member 1 (*CYP7B1*), identificado no BTA14, foi anteriormente associado ao início da puberdade, funções estrogênicas nos órgãos reprodutivos e desenvolvimento da glândula mamária. Segundo a literatura, camundongos *knockout* para esse gene tiveram maior desenvolvimento dos órgãos sexuais (inclusive a glândula mamária) quando comparados com camundongos selvagens. Em humanos, o gene Basic Helix-Loop-Helix Family Member E22 (*BHLHE22*) também identificado no BTA14 foi hiper expresso no início e após a gestação na glândula mamária. Nenhuma relação foi detectada entre os QTL identificados e a característica PU. Termos GO e MeSH não foram encontrados. Entre as vias metabólicas, a biossíntese de hormônios esteroides pode estar relacionada a expressão do fenótipo estudado, visto que o estrogênio é um importante hormônio no desenvolvimento da glândula mamária. Ambos os genes são candidatos para a característica de PU. Esses resultados podem ser úteis no entendimento da estrutura genética de PU, além de auxiliar na seleção genômica da raça Gir.

Palavras-chave: bovino de leite, WssGWAS, zebuínos.

Agradecimentos: Capes, FAPESP (proc.2018/23664-5; proc.2019/09763-6), CNPq/INCT – Ciência Animal, ABCGIL, ABCZ e Embrapa.



Evaluation of Inbreeding Using Whole Genome Sequencing of Nelore Cattle

Julianna Marie Torres¹; Larissa Fernanda Simielli Fonseca²; Diercles Francisco Cardoso³; Danielly Beraldo dos Santos Silva⁴; Gerardo Alves Fernandes Junior²; Roberto Carneiro²; Lucia Galvão de Albuquerque²; Ana Fabrícia Braga Magalhães¹

¹Department of Animal Science, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG, Brazil. ²São Paulo State University (Unesp), College of Agricultural and Veterinarian Sciences, Jaboticabal, SP, Brazil. ³Centre for Genetic Improvement of Livestock, Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Ontario, Canada. ⁴Jose do Rosario Vellano University, Campus Alfenas, Alfenas – MG, Brazil. *E-mail do autor apresentador: Juliannamtorres94@gmail.com.

Regions in homozygosity can be studied using Runs of Homozygosity (ROH), which are long uninterrupted stretches of the genome with homozygous genotypes and can be used to estimate inbreeding rate. The objective of this study was to identify segments of homozygosity with the use of ROH and to estimate the inbreeding coefficient utilizing complete sequencing of the genome in Nelore cattle. A total of 52 Nelore bulls were sequenced using the HiSeq X Ten System (Illumina) platform, with an average genomic coverage of 18.50X, ranging from 13.08 to 26.26X per sample. BCFtools v1.9 software was used to identify ROH considering only bi-allelic SNPs. The definition of the inbreeding coefficient (F_{ROH}) was given as the size of the genome covered by the ROH and divided by the total size of the genome covered by the sequences in which, L_{ROH} is the sum of the lengths of ROH and L_{AUTO} is the total size that the autosomes covered by reading the sequences. Consequently, obtaining a total genome size of 2.5 Gb. A total of 1,201,957 regions were found in homozygosity, and an average value of $23,114 \pm 638$ regions per animal. The bull with the highest homozygous occurrence exhibits a coverage of the ROH genome measuring 1068.4447 Mb, totaling 20,753 ROH which represents 42.96% of the Nelore bovine genome. The longest ROH was located on chromosome 17, totaling 9,968 Mb in the same animal. The classifications of homozygous regions were defined in length classes ranging from 1Mb to 3Mb with 2,225 homozygous regions and greater than 3Mb with 255 regions. As the majority of homozygous segments using sequencing data in the Nelore breed were short in size, it is possible to reveal the history of inbreeding in this population, that is, short segments (<4 Mb) denote the presence of inbreeding that occurred many generations ago. The inbreeding coefficient was 0.0344 ± 0.0023 when all ROH were used in the estimate (without length restriction). When ROH length classes were used, the inbreeding coefficients were from 0.0027 ± 0.0016 and 0.0008 ± 0.0006 for classes ranging from 1Mb to 3Mb and greater than 3Mb, respectively.

Key-words: Bovine; Sequencing; Homozygous.

Acknowledgements: The authors would like to thank Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, (FAPESP #2017/1036-2) for financial support.



INFLUÊNCIA DO CONSUMO DE MATÉRIA SECA EM CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA EM BOVINO DE CORTE

Bianca V. Pires^{1*}; Natalya G. Abduch²; Luana L. Souza³; Leandro S. Sakamoto²; Maria Eugênia Z. Mercadante²; Rafael M. O. Silva⁴; Claudia C. Paro de Paz²; Nedenia B. Stafuzza²

¹Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP. ²Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, SP. ³Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP. ⁴Zoetis, São Paulo, SP. *bianca2510@outlook.com

A identificação do grau de terminação e de desenvolvimento muscular dos animais por ultrassonografia possibilita a escolha ideal do ponto de abate do animal, o que reflete na eficiência da cadeia produtiva de carne. O objetivo desse estudo foi avaliar a influência do comportamento ingestivo de água e ração, consumo de água, consumo de matéria seca e ganho médio diário em características de carcaça em bovinos da raça crioula Caracu. Os dados foram obtidos a partir de 43 fêmeas e 61 machos contemporâneos, submetidos a 70 dias válidos de teste de eficiência alimentar em cochos eletrônicos Intergado®. Ao final do teste de eficiência alimentar, com cerca de 15 meses de idade, os animais foram submetidos a ultrassonografia para obtenção das medidas de área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura da garupa (EGG). As análises foram realizadas com o procedimento GLIMMIX do software SAS (SAS Institute, Cary, NC, EUA). As médias estimadas para AOL, EGS e EGG foram de $65,62 \pm 1,96 \text{ cm}^2$, $1,89 \pm 0,25 \text{ mm}$ e $4,89 \pm 0,12 \text{ mm}$ nos machos e $51,57 \pm 2,23 \text{ cm}^2$, $2,92 \pm 0,31 \text{ mm}$ e $3,94 \pm 0,15 \text{ mm}$ nas fêmeas, respectivamente, apresentando diferença significativa entre os sexos ($P < 0,001$). As análises estatísticas revelaram que, entre todas as características avaliadas, apenas sexo ($P < 0,0002$) e consumo de matéria seca ($P < 0,02$) têm efeito significativo nas medidas de AOL, EGS e EGG, enquanto as características de comportamento ingestivo, consumo de água e ganho médio diário não apresentaram efeito significativo nas características de carcaça avaliadas. O grau de acabamento (EGS e EGG) está relacionado às precocidades de crescimento e sexual. A medida de AOL está associada ao rendimento de carcaça e ganho de peso. O crescimento entre machos e fêmeas é diferenciado, fêmeas começam a depositar gordura mais cedo, o que faz com que apresente uma menor velocidade de crescimento. Durante o desenvolvimento animal o consumo de matéria seca está intimamente relacionado ao peso corporal, ganho de peso e composição de dieta, determinando a qualidade da carcaça. A seleção de animais precoces com acabamento de carcaça adequado, permite uma redução nos custos com alimentação produzindo cortes cárneos de alta qualidade.

Palavras-chave: Caracu; sexo; ultrassonografia.

Agradecimentos: FAPESP (18/19216-7, 20/03699-9 e 19/10438-0), CAPES e CNPq.



DETECÇÃO DE VARIAÇÕES DE NUCLEOTÍDEOS ÚNICOS E INDELS A PARTIR DO RESSEQUENCIAMENTO DO GENOMA DE TOUROS GIR

Larissa Graciano Braga^{1*}; Tatiane Cristina Seleguim Chud²; Thomaz Marques Sena¹; Rodrigo Pelicioni Savegnago³; Samla Marques Freire Cunha¹; Marco Antônio Machado⁴; Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva⁴; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil. ²University of Guelph, Ontário, Canadá. ³Michigan State University, East Lansing, EUA. ⁴Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil. *lgbragavet@gmail.com.

Análises a partir de dados de sequenciamento do genoma completo têm permitido a detecção mais precisa de mutações causais e variações estruturais do genoma em relação às conduzidas a partir do uso de painéis de genotipagem. Neste trabalho, objetivou-se detectar variações de nucleotídeo único (SNV), inserções e deleções (*indels*) em bovinos Gir Leiteiro a partir do ressequenciamento de 30 touros representativos da raça. Amostras de DNA foram sequenciadas na plataforma Illumina NovaSeq 6000 e bibliotecas do tipo *paired-end* foram geradas com *reads* de tamanho 2 x 150 pb. Mediante recomendações de parâmetros do 1000 *Bull Genomes Project*, *reads* de baixa qualidade, adaptadores e possíveis contaminantes foram removidos. As sequências foram alinhadas ao genoma de referência ARS-UCD1.2 pelo BWA mem (v. 0.7.15). As duplicatas foram removidas pela opção MarkDuplicates do Picard Tools (v. 2.18.2) e a recalibração do escore de qualidade das bases foi realizada pelo BaseRecalibrator, PrintReads e HaplotypeCaller do *software* Genome Analysis Toolkit (GATK, v. 3.8-1-0-gf15c1c3ef). Samtools flagstat (v. 1.8) e bcftools stats (v. 1.9) foram utilizados para calcular estatísticas de alinhamento e de variantes, respectivamente. A média do número total de *reads* foi de 351.621.910. A cobertura do genoma de cada amostra variou de 11,6X a 25X com média de 16,83±3,02. O número de SNV variou de 2.703.757 a 20.617.141 por amostra, com coeficiente de variação (CV) de 28,2%. O número de *indels* por amostra foi de 393.852 a 2.780.002 (CV = 28%). A taxa de transição/transversão (Ti/Tv) de bases foi de 2,02 a 2,17, com média de 2,13. A variabilidade em torno da média no número de SNV, indicada pelo coeficiente de variação, foi semelhante àquela verificada para a média de *indels*. A Ti/Tv foi compatível com outros estudos genômicos de zebuínos e indicou confiabilidade nas variantes e *indels* detectadas. Variantes identificadas poderão auxiliar na identificação de marcadores que estejam relacionados às características de importância econômica na raça Gir. O melhor entendimento da diversidade genética da raça permitirá o monitoramento da variabilidade genética dos indivíduos formadores dos rebanhos.

Palavras-chave: Bovinos de leite; NGS; zebuíno.

Agradecimentos: à Embrapa Gado de Leite, ao Dr. Adhemar Zerlotini Neto e Dr. Leandro C. Cintra (Lab. Multiusuário de Bioinformática da Embrapa) e CNPq (Proc. 431629/2016-1).



ANÁLISE GENÔMICA DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM VACAS LEITEIRAS

Tayllana Schwanke Gonçalves¹; Gabriel Gubiani¹; Nathalia Tais Rossetto;
Heitor José Cervo¹; Juliana Marcia Rogalski¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – *Campus Sertão*. *tayllana.sg@gmail.com

A fixação de características morfofisiológicas na bovinocultura de leite é necessária para que haja incrementos genéticos para as gerações futuras. O uso de genes e locos de caracteres quantitativos (QTLs) traz alta acurácia de seleção ao setor, além de contribuir para a redução do tempo na melhoria do plantel. O objetivo deste estudo foi avaliar o incremento do mérito genético, através da seleção genômica. O sêmen de touros com características comprovadas foi utilizado nas fertilizações do rebanho. Foram observadas características reprodutivas e morfológicas, relacionadas à capacidade de: vida produtiva (LP), fertilidade das fêmeas (DPR), mérito líquido (ML), conformação de úbere (U) e conformação de pernas e pés (PP), em três gerações de vacas da raça Holandesa, mantidas no interior do município de Sertão/RS. As gerações foram organizadas em categorias, sendo: I) avós; II) filhas; e III) netas. Os dados genômicos dos animais foram submetidos ao teste Tukey, com $\alpha = 0,05$. Em relação a LP, houve ganhos na longevidade dos animais no rebanho, sendo de: (0,02) na I, (1,5) na II, e (3,2) na III. Portanto, os animais da geração III produziram por três meses a mais que os da geração I. O tempo que a fêmea permanece no rebanho possui grande importância econômica, uma vez que o aumento da longevidade resulta em menores custos de reposição de animais. DPR não diferiu significativamente entre as gerações se mantendo constante: III (1,7), II (1,9) e I (1,9). Para ML as gerações apresentaram: I (-96,0), II (47,2) e III (244,0), mostrando que o retorno econômico da geração III será maior que as gerações antecedentes. Em relação à morfologia, U teve resultados positivos: III (-0,5), II (0,1) e III (0,1), pois a evolução da saúde do úbere potencializa a vida produtiva do animal. PP tiveram aumentos significativos entre gerações, sendo: I (-0,3), II (-0,04) e III (0,7), o que mostra uma melhora na característica podal. O presente trabalho permite concluir que o uso da seleção genômica incrementou significativamente ganhos nas variáveis produtivas e reprodutivas ao longo das gerações, trazendo também uma diminuição de problemas que causam alterações na saúde clínica dos animais, menor taxa de descarte por problemas decorrentes de má conformidade ou reprodução, bem como aumento da longevidade do rebanho.

Palavras-chave: Genômica, Mérito genético, Longevidade.

Agradecimentos: BICTES/IFRS; PET Conexões – Licenciatura em Ciências Agrícolas.



CAPACIDADE DE TRANSMISSÃO DE QUALIDADES DO LEITE: VOLUME, PROTEÍNA E GORDURA

Tayllana Schwanke Gonçalves¹; Gabriel Gubiani¹; Gabriela Cenedeze¹; Heitor José Cervo¹; Juliana Marcia Rogalski¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – *Campus Sertão*. *Tayllana.sg@gmail.com

A análise genômica dos rebanhos é uma ferramenta importante, pois fornece dados que melhoram as decisões relacionadas à seleção de animais geneticamente superiores. As informações moleculares visam aumentar a eficiência da seleção, compreendendo genótipos para marcadores moleculares, como genes e QTLs (Quantitative Trait Loci), relacionados à determinação de características de interesse produtivo e econômico. Este estudo teve como objetivo avaliar o incremento do mérito genético por meio de análise genômica, em animais da raça holandesa. O estudo ocorreu em uma propriedade localizada no município de Sertão (RS), com 380 animais e foram avaliadas as seguintes características: capacidade de transmissão de leite (PTAL), gordura (PTAG) e proteína (PTAP). Três gerações com genótipos conhecidos foram classificadas em: (I) avós, (II) filhas e (III) netas. Os dados obtidos foram submetidos ao Teste Tukey, com $\alpha = 0,05$. A média do rebanho para PTAL melhorou ao longo das gerações, sendo na geração I (-26,9 kg/L), II (83,3 kg/L), e III (158,3 kg/L). Estes ganhos na quantidade de leite permitem que o produtor obtenha maior eficiência produtiva e maior rentabilidade na atividade leiteira. Para a PTAP os resultados foram: geração I (-2,8), II (1,5) e III (4,8), o que demonstra uma melhora significativa. Para PTAG, a evolução é mais lenta, visto que o aumento da produção leiteira diminui a concentração de gordura (correlação negativa). A gordura foi superior à concentração média do rebanho (3,6), sendo nas gerações: I (-6,2), II (-2,1) e III (4,5). Este estudo permitiu concluir que o uso da seleção genômica incrementou significativamente os ganhos das variáveis produtivas (PTAP, PTAG), além da transmissão de leite (PTAL) ao longo das gerações, elevando a qualidade do rebanho e encurtando o período necessário ao melhoramento.

Palavras-chave: Marcadores moleculares, Genoma, Melhoramento genético.

Agradecimentos: BICTES/IFRS; PET Conexões – Licenciatura em Ciências Agrícolas.



DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE GALINHAS COMERCIAIS E NATIVAS

Jéssica Xavier Silva^{1*}; André Campêlo Araujo¹²; Luiz Fernando Brito²; Mônica Côrrea Ledur³; Samuel Rezende Paiva⁴; Paulo Barros Junior¹; Jane de Oliveira Peixoto³; Paulo Luiz Souza Carneiro¹.

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. ²Purdue University. ³Embrapa Suínos e Aves. ⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [*xsjessica@gmail.com](mailto:xsjessica@gmail.com)

Os níveis de diversidade genética em populações de galinhas de linhagens comerciais ou de galinhas nativas são um desafio, isso porque as linhagens comerciais estão em constante processo de seleção artificial e as nativas, pela falta de manejo adequado e introdução massiva de animais exóticos, correm risco de extinção. Portanto, objetivou-se estudar a diversidade genética de populações de galinhas criadas no Brasil. Para isso, aves das linhagens TT (frango de corte, n=16), GG (poedeiras de ovos marrons, n=15), CC (poedeiras de ovos brancos, n=15) e da raça Índio (frango de corte caipira, n=16), cedidas pela Embrapa Suínos e Aves foram genotipadas com o SNP chip de 600K (*Affymetrix® Axiom® HD genotyping array*). O controle de qualidade (CQ) foi realizado no PLINK v.1.9 e foram mantidos SNPs com: MAF > 0,05, SNP *call rate* > 95% e valor de p do equilíbrio de Hardy-Weinberg > 1.0e-6. Foi realizado o *pruning* dos SNPs com desequilíbrio de ligação $r^2 > 0,9$ em janelas de 50 SNPs com gap de 5 SNPs. A remoção de indivíduos com *call rate* < 90% também fez parte do CQ. Após o CQ, foram calculadas a porcentagem de SNPs polimórficos (PolSNPs), MAF média dos PolSNPs e heterozigosidades esperadas e observadas (He e Ho, respectivamente) com o PLINK v.1.9. O número de SNPs pós CQ e *pruning* foi 120.684, 69.853, 51.659 e 309.115 nas linhagens TT, GG, CC e na Índio, respectivamente, e nenhum animal foi excluído pela *call rate*. A quantidade de SNPs pós LD *pruning* pode ser explicada pela alta correlação de marcadores que passaram pelo QC, para estudos de diversidade o ideal é que os SNPs sejam mais independentes. A PolSNPs nas linhagens TT, GG, CC e na Índio foram 75,7, 60,5, 52,1 e 78,4%, respectivamente, MAFs médias de 0,26, 0,26, 0,25 e 0,25, respectivamente, e He e Ho foram 0,38 e 0,39, 0,38 e 0,40, 0,37 e 0,39 e 0,37 e 0,37, respectivamente. Menor PolSNPs está relacionada a perda de variabilidade genética, sendo observadas que as aves selecionadas para postura apresentaram menores valores. No entanto, a MAF média para PolSNPs foi similar entre as raças, indicando que para PolSNPs a proporção média dos alelos foi semelhante entre as populações. He menores que Ho podem indicar excesso de homozigose, fato não observado nessas populações. As linhagens de galinhas de corte e postura desenvolvidas pela Embrapa e a raça Índio possuem variabilidade genética para ser explorada, entretanto, a PolSNPs nas linhagens de postura deve ser cuidadosamente observada.

Palavra-Chave: Conservação; *Gallus gallus*; Animais Locais.

Agradecimentos: À FAPESB, ao CNPq e Embrapa.



ANÁLISE PRELIMINAR DA ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL DE GALINHAS NIGERIANAS

Jéssica Xavier Silva^{1*}; André Campêlo Araujo¹; Luiz Fernando Brito²; Mônica Côrrea Ledur³; Samuel Rezende Paiva⁴; Paulo Barros Junior¹; Adriana Mércia Guaratini Ibelli³, Paulo Luiz Souza Carneiro¹.

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. ²Purdue University. ³Embrapa Suínos e Aves. ⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *xsjessica@gmail.com

As galinhas nativas ou localmente adaptadas tornaram-se uma das principais fontes de renda e alimentação de núcleos familiares rurais e pequenos produtores. Elas são importantes na luta contra a insegurança alimentar em pequenas aldeias e comunidades nigerianas, devido sobreviverem mesmo em condições precárias. A avaliação da estrutura genética populacional permite conhecer a formação de subpopulações, que a partir daí podem ser manejadas de forma diferenciada. Assim, objetivou-se avaliar a estrutura populacional de grupos de galinhas nativas da Nigéria. Foram utilizados dados de 49 aves genotipadas com o chip de 600K (*Affymetrix® Axiom® HD genotyping array*), pertencentes aos ecótipos Yoruba e Fulani e a linhagem comercial Shika Brown, cedidos pela Embrapa Suínos e Aves. Foi realizado o controle de qualidade (CQ) utilizando o PLINK v.1.9, sendo removidos marcadores nos cromossomos sexuais, com $MAF < 0,05$, $SNP\ call\ rate < 95\%$, valor de p do equilíbrio de Hardy-Weinberg $< 1.0e-6$ e indivíduos com $call\ rate < 90\%$. O *pruning* de desequilíbrio de ligação com limite de r^2 de 0,9 em janelas de 50 SNPs com gap de 5 SNPs foi realizado para remover marcadores altamente correlacionados, resultando no uso de 356.700 SNPs para as análises posteriores. A estrutura da população foi avaliada por meio da análise de componentes principais (CPs) da matriz genômica de parentesco (**G**), feita no PLINK v.1.9. Os dois primeiros CPs juntos explicaram 12,68% da variação na matriz **G** (9,15 e 3,53% para os CPs 1 e 2, respectivamente), sendo observada a formação de duas subpopulações na dispersão dos animais no *scatter plot*. A primeira subpopulação foi composta pelos animais da linhagem Shika Brown e a segunda pelos ecótipos Yoruba e Fulani, com duas aves dessa última subpopulação mais afastados. Adicionalmente, foi estudada a dispersão das aves em um *scatter plot* 3D, incluindo o terceiro CP, que explicou 3,27% da variação da matriz **G**, e a mesma estruturação foi observada. A matriz **G** representa o parentesco realizado entre os indivíduos, pois leva em consideração os alelos compartilhados entre eles, capturando semelhanças entre indivíduos mesmo quando não tem laços no pedigree. Existe estrutura populacional nas galinhas nigerianas de acordo com os CPs da matriz **G**, sendo interessante mais estudos para a descrição desses recursos genéticos.

Palavra-Chave: Componentes Principais; Conservação; Animais Nativos.

Agradecimentos: À FAPESB, CNPq e à Embrapa.



DIVERSIDADE DE HAPLÓTIPOS DA REGIÃO PARCIAL DO GENE COI EM ESPÉCIES DO GÊNERO *Odontesthes* (ATHERINOPSIDAE)

Suzane Fonseca Freitas^{1*}; Rafael Aldrighi Tavares¹; Heden Luis Marques Moreira¹; Ana Luiza de Brito Portela Castro²; Sérgio Renato Noguez Piedras¹; Welinton Schröder Reinke¹; Daiane Machado Souza¹; Nelson José Laurino Dionello¹

¹Universidade Federal de Pelotas (UFPel). ²Universidade Estadual de Maringá (UEM).
[*suzane.ff@hotmail.com](mailto:suzane.ff@hotmail.com)

A inferência de haplótipos por meio da análise de polimorfismos do gene mitocondrial *cytochrome c oxidase subunit I* ou COI consiste em uma ferramenta de grande relevância para elucidação da estrutura genética de espécies. Peixes do gênero *Odontesthes*, popularmente conhecidos como peixe-rei ou *pejerrey*, são endêmicos da América do Sul com importância econômica para pesca artesanal e esportiva bem como na aquicultura, sendo necessário estudos que visem a conservação destes recursos. Foram obtidas 36 sequências parciais do gene COI de 10 espécies do gênero *Odontesthes* (*O. argentinensis*, *O. bonariensis*, *O. hatcheri*, *O. humensis*, *O. incisa*, *O. smitti*, *O. nigricans*, *O. perugiae*, *O. platensis*, *O. regia*) contidas no Genbank (NCBI) com tamanhos de 562 a 690 pb. As sequências obtidas foram editadas e realizado o alinhamento múltiplo de sequências com ClustalW implementado ao software MEGA-X. Posteriormente, para aferir a variação entre as sequências, foram avaliados os sítios conservados (C), variáveis (V), parcimoniosos informativos (PI) e *singletons* (S) utilizando o mesmo software. Com base nas regiões variáveis observadas, foi realizada a construção dos haplótipos e cálculo da diversidade haplotípica (h) e nucleotídica (π) utilizando o software DNAsp v.6. Os ensaios de alinhamento revelaram 651 nucleotídeos alinhados para as 10 espécies, dentre os quais foram observados 489 sítios conservados (C), 60 sítios variáveis (V), 49 parcimoniosos informativos (PI) e 11 *singletons* (S), com diversidade nucleotídica (π) de 0,02821. Foram encontrados 23 diferentes haplótipos com alta diversidade haplotípica (h) de 0,97, no qual o haplótipo 7 foi mais ocorrente, sendo o mesmo compartilhado nas espécies *O. bonariensis*, *O. humensis* e *O. perugiae*. *O. bonariensis* apresentou maior número de haplótipos, seis ao total. Dentre as sequências analisadas, as espécies *O. hatcheri*, *O. platensis* e *O. smitti* apresentaram haplótipos específicos (13, 19 e 23 respectivamente). *O. regia* apresentou três diferentes haplótipos (20, 21 e 22), todavia não os compartilhou. Por sua vez, *O. humensis* apresentou dois haplótipos para espécie, bem como *O. nigricans* e *O. perugiae*. Logo, com base no número de haplótipos observados bem como seu compartilhamento evidencia-se grande proximidade genética, havendo a necessidade de estudos mais abrangentes a fim de estabelecer a correta distinção entre as espécies pertencentes ao gênero.

Palavras-chave: mtDNA; neotropical; peixe-rei

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com fomento da CAPES e apoio da UFPel.



DISTRIBUIÇÃO DAS FREQUÊNCIAS ALÉLICAS DE MARCADORES SNPs EM GALINHAS BRASILEIRAS

Johnny Iglesias Mendes Araujo^{1*}; Jéssica Xavier Silva¹; André Campelo Araújo¹; Paulo Barros de Abreu Junior¹; Mônica Côrrea Ledur²; Samuel Rezende Paiva³; Jane de Oliveira Peixoto²; Paulo Luiz Souza Carneiro¹

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. ²Embrapa Suínos e Aves. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *johnny-iglesias@hotmail.com

As frequências alélicas podem ser usadas para descrever a diversidade genética de populações de animais silvestres e domésticos. Fatores evolutivos podem afetar essas frequências ao longo das gerações, causando alterações e influenciando também a expressão fenotípica. Assim, objetivou-se descrever a distribuição das frequências alélicas de marcadores SNPs em quatro genótipos de galinhas brasileiras. Foram utilizadas galinhas das linhagens de corte TT (16), poedeiras de ovos brancos CC (15), poedeiras de ovos marrons GG (15) e Índio (16), cedidas pela Embrapa Suínos e Aves, genotipadas com *Affymetrix Axiom®Genome-Wide Chicken Genotyping Array* ~ 600 k SNP. O controle de qualidade (CQ) dos genótipos e o *pruning* de desequilíbrio de ligação (LD) foram realizados no Plink v.1.9. Foram removidos marcadores não autossômicos com valores de MAF < 0,01, *call rate* para os SNPs < 0,95, *call rate* para os indivíduos < 0,90, desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg ($p < 1e-6$) e LD > 0,9. A distribuição dos SNPs foi definida em 10 classes de MAF: de 0,01 a 0,50 em intervalos de 0,05. O número de SNPs pós CQ e *pruning* foi 120.684, 69.853, 51.659 e 309.115 nas linhagens TT, GG, CC e na Índio, respectivamente, e nenhum animal foi excluído pela *call rate*. A porcentagem de SNPs (PSNPs) na primeira classe (0,01-0,05) variou de 6 à 9% na TT e CC, respectivamente. Na segunda classe (0,06-0,10) a PSNPs foi 13,14, 15 e 15% para TT, GG, Índio e CC, respectivamente. As linhagens CC, GG e Índio apresentaram distribuição de SNPs semelhante (7%) na terceira classe (0,11-0,15) em comparação à TT (6%). A SNPs na quarta e quinta classes (0,16-0,20 e 0,21-0,25, respectivamente) para TT e Índio foi de 13% (em ambas) e para CC e GG oscilaram entre 7 a 14%. O SNPs observados na sexta classe (0,26-0,30) para GG, CC, TT, Índio foram, respectivamente, 14, 12, 7 e 6%. Na classe 0,31-0,35 as porcentagens foram de 13, 12, 7 e 6%, respectivamente, para TT, Índio, GG e CC. Nas três últimas classes (0,36-0,40; 0,41-0,45 e 0,46-0,50), a PSNPs para GG e CC variou de 10 à 13%, enquanto para TT e Índio um pouco menor, de 6 à 9%. As galinhas selecionadas para postura apresentaram frequências semelhantes entre si, enquanto que para as TT e Índio foram mais próximas uma da outra. Existem diferenças na distribuição das frequências alélicas de SNPs nessas linhagens, refletindo possivelmente os diferentes propósitos ou ênfase de seleção praticada em cada uma delas.

Palavras-chave: Controle de qualidade; Diversidade genética; Galinhas.

Agradecimentos: À FAPESB, CNPq e Embrapa.



MARCADORES SNPs POR CLASSES DE FREQUÊNCIAS ALÉLICAS EM GALINHAS NIGERIANAS, CHINESAS E EUROPEIAS

Johnny Iglesias Mendes Araujo^{1*}; Jéssica Xavier Silva¹; André Campelo Araújo¹; Paulo Barros de Abreu Junior¹; Mônica Côrrea Ledur²; Samuel Rezende Paiva³; Adriana Mércia Guaratini Ibelli²; Paulo Luiz Souza Carneiro¹.

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. ²Embrapa Suínos e Aves. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *johnny-iglesias@hotmail.com

O conhecimento da distribuição das frequências alélicas e dos fatores capazes de alterá-las ao longo das gerações é fundamental na implementação de programas de criação e conservação de recursos genéticos. Assim, objetivou-se descrever a porcentagem das frequências alélicas de SNPs em galinhas nigerianas, chinesas e europeias. Foram avaliadas galinhas das linhagens nativas nigerianas – Nigéria (49) cedidas pela Embrapa Suínos e Aves, genotipadas com Affymetrix Axiom®Genome-Wide Chicken Genotyping Array ~ 600 k SNP. Os dados das linhagens poedeiras de ovos brancos - WEL (46) e ovos marrons - BEL (52) e duas de frangos de corte BRO (123) e chinesas de pena amarela - Chinesa (446), foram obtidas em plataforma de domínio público de Kranis et al. (2013) e Ye et al. (2019), respectivamente. O controle de qualidade (CQ) dos genótipos e o *pruning* de LD foram realizados no Plink v.1.9. Foram removidos marcadores não autossômicos com valores de MAF < 0,01, *call rate* para os SNPs < 0,95, *call rate* para os indivíduos < 0,90, desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg ($p < 1e-6$) e LD > 0,9. A distribuição dos SNPs foi definida em 09 classes de MAF: de 0,05 a 0,50 em intervalos de 0,05. O número total de marcadores após CQ foram 356,700 SNPs (Nigéria), 204,696 SNPs (BEL), 257,758 SNPs (BRO), 47,616 SNPs (WEL) e 213,152 SNPs (Chinesa). O percentual de SNPs (PSNPs) na primeira classe (0,05-0,10) para Chinesa, BEL e Nigéria, BRO e WEL foram de 10, 13, 14 e 19%, respectivamente. Na segunda classe (0,11-0,15) ficou entre 10 e 15% para Chinesa e WEL, respectivamente. Na classe 0,16-0,20 (terceira) foram de 10, 11, 13 e 14%, para Chinesa, BEL, Nigéria e BRO e WEL, respectivamente. A WEL e BEL na quarta classe apresentaram PSNPs de 12%, Nigéria e Chinesa de 10% e BRO de 11%. Na quinta e sexta classes (0,26-0,30 e 0,31-0,35, respectivamente) as PSNPs foram semelhantes de 10% entre BEL, BRO, Chinesa e WEL (exceto na quinta (9%)) e a Nigéria apresentou 9% em ambas classes. Na sétima, oitava e nona classes (0,36-0,40, 0,41-0,45 e 0,46-0,50, respectivamente) as PSNPs foram iguais para WEL e Nigéria (7%), Chinesa de 10%, BEL de 11% e BRO de 9% (exceto na nona que foi 10%). A WEL apresentou maiores PSNPs de baixa frequência em comparação as demais. As de frangos de corte apresentaram PSNPs semelhantes nas últimas classes e foram constantes por classes, principalmente a Chinesa. Isso pode ser explicado pelo fato das linhagens de corte terem passado por diferentes processos de seleção.

Palavra-Chave: *Gallus gallus*; Genômica; Seleção.



VARIAÇÃO DO ADN MITOCONDRIAL NA ABELHA DA MEL (*Apis mellifera* L.) DO PERÚ BASADO NA REGIÃO INTERGÊNICA tRNA^{LEU}-COX2

Julio César Chávez-Galarza¹, Ruth Noemí López Montañez², Alejandra Jiménez Espinoza², Juan Carlos Oré Cuya², Sergio Medina Ramírez², Reyna Rea Zenozaín²

¹Laboratorio de Investigación Tecnológica en Cambio Climático, Instituto Nacional de Innovación Agraria. ²Centro Experimental La Molina, Instituto Nacional de Innovación Agraria. *E-mail do autor: jcchavezgalarza@gmail.com.

Conhecer a diversidade genética das populações locais de abelhas é fundamental para estabelecer estratégias de conservação e programas de melhoramento genético dentro da atividade apícola. Para a caracterização genética na abelha da mel (*Apis mellifera* L.) tem sido muito utilizada a região intergênica tRNA^{leu}-cox2 com a finalidade de descrever as diferentes linhagens evolutivas e diversidade genética. Esta região é constituída por uma sequência não codificante, formada pelos elementos P (P₀, P, P₁) e Q (1 a 5 repetições). Apesar dos numerosos estudos, a variabilidade materna de populações de *Apis mellifera* no Perú era praticamente desconhecida até recentemente. Por tanto, o objetivo do presente trabalho fue estimar a variação mitocondrial de populações da abelha da mel presente em três regiões do Perú usando a região mitocondrial tRNA^{leu}-cox2. Para atingir este objetivo, um total de 493 colmeias foram amostrados: 183 na região Lima, 151 na região Junín e 159 na região Piura. Por cada colmeia foi colectado um indivíduo. Para a análise da variação mitocondrial foi extraído o ADN do tórax dos indivíduos y amplificado por PCR a região intergênica tRNA^{leu}-cox2 segundo as condições propostas pelo Garnery *et al.* (1993). Os productos foram sequenciados e analisados usando os softwares MEGA, PHYLIP e NETWORK. Estas análises incluíram sequências de referência presente na base de dados do NCBI para a comparação e identificação dos haplotipos. Os resultados indicaram um maior número de colmeias com haplotipos africanos do que europeios: 318 haplotipos da linhagem africano (A), 169 haplotipos da linhagem europeio (C), e seis haplotipos da linhagem europeio (M). Dentro dos haplotipos africanos se identificaram A1, A4, A30, e dentro dos europeios foram C1, C2, C3, M7. A região Lima apresentou um maior número de haplotipos da linhagem europeio C, enquanto a região Junín e Piura apresentaram maior número de haplotipos africanos. Esta diferencia entre Lima e Junín-Piura é devido principalmente a um maior processo de selecção e compra de abelhas italianas em Lima, enquanto Junín-Piura trabalha mais com a abelha local que já está africanizada. Deve-se salientar a presença do haplótipo A30, já que este haplótipo só tem sido reportado com alta frequência no Portugal e a presença no Brasil é por causa da colonização europeia. A chegada ao Perú do haplótipo A30, assim como os outros haplotipos africanos, foi durante a expansão da abelha africanizada brasileira nas Américas. O novo haplótipo identificado apresenta só o elemento P e nenhum elemento Q, sendo reportado pela primera está estrutura para esta região intergênica. Este estudo constitui a a primeira caracterização genética mitocondrial da abelha peruana proporcionando informação de base que pode ser útil em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: ADNmt, tRNA^{leu}-cox2, haplotipos.

Agradecimentos: Ao Programa Nacional de Innovación Agraria pelo financiamento do Projeto 124_PI: Determinación de la prevalencia estacional de las principales plagas, enfermedades y el grado de africanización de *Apis mellifera* en las colmenas de los departamentos de Junín, Lima y Piura.



UMA FERRAMENTA TECNOLÓGICA PARA IDENTIFICAR DIFERENÇAS NAS MICROESTRUTURAS NO PELO DE OVINOS LOCALMENTE ADAPTADOS

Luís Alberto Linhares Rufino¹; Regis Cristiano Pinheiro Marques²; João Victor Serra Nunes³; Kleibe de Moraes Silva⁴; Pedro Zione Souza⁵.

¹Universidade Federal do Ceará - Zootecnia - Grupo de estudo de caprinos e ovinos, Pici, Fortaleza - CE. E-mail: uadnum@gmail.com; ²Instituto Federal do Ceará. Departamento de Telemática - Campus Fortaleza. regismarques@ifce.edu.br; ³Universidade Federal do Ceará, CCS, Bairro: Rodolfo Teófilo, Fortaleza - CE, Brasil. E-mail: jvictorsn@hotmail.com; ⁴Embrapa Caprinos e Ovinos, Bairro: Zona Rural, Sobral - CE, Brasil. E-mail: kleibe.silva@embrapa.br; ⁵Universidade Federal do Ceará, DZ, Bairro: Rodolfo Teófilo, Fortaleza - CE, Brasil. E-mail: pzione@ufc.br

A caracterização de padrões micromorfológicos dos pelos de ovinos são úteis para identificar entre os ovinos diferenças que trazem mais informações sobre como um desses recursos genéticos pode contribuir no futuro para sua adaptação às mudanças climáticas. No Brasil há poucos dados que sirvam de base para identificar os principais componentes do potencial desses animais em relação ao comércio de seus produtos e subprodutos originados de animais que vivem, em regiões do semiárido nordestino, sobretudo os localmente adaptados, que foram esquecidos pelo modismo de raças exóticas. Este resumo apresenta os resultados de uma ferramenta computacional proposta para identificar e classificar ovinos a partir de imagens de microscopia de seus pelos. Utilizou-se da microscopia eletrônica de varredura por ser um elemento gerador de conhecimento, indispensável para garantir informações mais precisas, que agregam dados na caracterização dos recursos genéticos animais. Os experimentos foram realizados em três raças de ovinos localmente adaptados: morada nova variedade vermelha, morada nova variedade branca e somalis brasileira. Todos os animais são de rebanho localizados no Estado do Ceará. São fêmeas solteiras e vazias com no máximo 2 (dois) anos de idade. Foram recolhidos pelos do flanco esquerdo em 10 (dez) pontos na pele dos animais. O pelo foi cortado na sua região média, pois as microestruturas da cutícula, córtex e medula estão com suas arquiteturas bem caracterizadas e bem distintas. Os pelos foram cortados na faixa de 3 a 4 mm, medidas adequadas conforme a literatura. As imagens foram salvas na resolução 1024x943 pixels. O método computacional proposto para classificação e separação das imagens, de acordo com a raça a qual o animal pertence, consiste das seguintes etapas: 1. Recorde da região de interesse de 350x600 pixels; 2. Filtragem não linear da mediana; 3. Subamostragem das colunas de um fator 2; 4. Detecção das bordas das escamas; e 5. Cálculo da distância entre bordas. Foram descartadas distâncias menores que 3 µm e maiores que 15 µm. O conjunto de imagens (30 imagens) foi dividido em 2/3 para modelagem/treino e 1/3 para validação. O teste de hipótese F de cada conjunto de dados permitiu afirmar que cada classe segue uma distribuição normal com parâmetros: Morada Branca (média: 8,73 e desvio padrão: 2,01); Morada Vermelha (média: 9,42 e desvio padrão: 2,08) e somalis (média: 10,61 e desvio padrão: 2,01). Os resultados obtidos por um classificador Bayesiano, ao qual foram submetidas as amostras de validação, demonstram a aplicabilidade do método, com o qual foi obtido uma taxa de reconhecimento de 95%.

Palavras-chave: microscopia eletrônica, raças locais, ovinos Agradecimentos: Central Analítica – Universidade Federal do Ceará - UFC



Recursos Genéticos Animais

3- Sistemas de Produção e Manejo



ESTADO DA ARTE DA CRIAÇÃO DE GALINHAS DA RAÇA ÍNDIO GIGANTE NO BRASIL

Manoel Braz da Silva Júnior^{1*}; Marcos Vinicius Guimarães de Souza¹; Eudemio Sousa Brito Junior²; Marilha Vieira de Brito²

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Maranhão. ²Universidade Federal do Piauí. *manoel.junior@ifma.edu.br

A raça Índio gigante é originária do Brasil, aparecendo simultaneamente em Minas Gerais e Goiás, após longo período de cruzamentos de raças como shamo, malaio e combatente com galinhas caipiras. Trata-se, portanto, de uma raça híbrida de grande porte, as fêmeas podendo chegar a 1 m e os machos até 1,20 m de altura e alguns atingem até 8 kg. Aliado ao grande porte, a raça apresenta alto valor de mercado, precocidade e sabor diferenciado, com carne firme e baixo teor de gordura. O objetivo deste trabalho foi investigar o perfil dos criadores dessa raça, as características que tornam o índio gigante tão atrativo, o modo de comercialização das aves, meios de obtenção de nova genética, bem como as dificuldades para a criação desses animais. A pesquisa foi desenvolvida através de questionário eletrônico estruturado enviado a criadores de todo o país. Foram ouvidos 25 criadores distribuídos em 20 municípios de 10 estados. Os resultados mostraram que a criação de índio gigante no Brasil é uma atividade essencialmente masculina, desempenhada por adultos jovens com nível de escolaridade bem variada, sendo que mais da metade (52%) não possui formação superior, 56% nunca participou de nenhum tipo de curso sobre manejo animal, além disso, a criação desses animais é desempenhada principalmente como atividade familiar, sendo que 88% dos entrevistados lidam sozinhos ou apenas com auxílio de familiares no manejo das aves. O valor de mercado foi apontado por 76% dos entrevistados como sendo a característica mais atrativa da raça. Porém, atributos fenotípicos como porte e rusticidade também foram considerados importantes. 52% dos criadores comercializam principalmente filhotes, 44% são vendedores de aves adultas e apenas 4% comercializam ovos desses animais. No entanto, a principal forma de obtenção de novas aves para melhoria da genética do plantel é através da compra de reprodutores e matrizes. Nesse contexto, chama a atenção que 20% dos entrevistados fazem empréstimo, com outros criadores, de animais adultos, a fim de aumentar a variabilidade genética do plantel. Sobre as dificuldades enfrentadas, o maior destaque, 52%, foi para a perna-bamba, uma doença muito comum em galos índio gigante. Assim, percebe-se que a criação de índio gigante no Brasil é um processo artesanal, com aspecto predominantemente caipira e sem instruções adequadas para o manejo das aves, as quais vem sofrendo um melhoramento principalmente voltado para estética, em detrimento a outras características, como resistência a doenças típicas da raça.

Palavras-chave: galinha; criatórios; genética



O USO “ÓTIMO” DOS RECURSOS GENÉTICOS LOCALMENTE ADAPTADOS EM SISTEMAS DE PRODUÇÃO ANIMAL

Josiel Ferreira^{1*}; Robson Mateus Freitas Silveira²

¹Universidade Federal Rural do Semiárido. ²Universidade Estadual do Vale Acaraú. *E-mail do autor apresentador: jjosielborges@hotmail.com

O aquecimento global originado principalmente pelas mudanças climáticas tem modificado cada vez mais as características dos sistemas de produção animal. Na atualidade, os elementos que compõem os sistemas produtivos – animal e ambiente, principalmente –, já não são e nem podem ser mais os mesmos. O “volume produtivo” de carne, leite, lã, por exemplo, trouxe as raças exóticas em substituição das nativas, “menos produtivas”. No entanto, a relação de desejo pelo quantitativo do que “*se queria produzir*”, passou a ser agora: “*o que se pode produzir*”. Além disso, as mudanças climáticas resultaram em desaparecimento de espécies endêmicas, susceptibilidade ao estresse por calor e enfermidades, secas, inundações e desastres ambientais, potencializando os efeitos adversos na produção animal. Em diversas regiões do planeta, a criação de animais nativos localmente adaptados forma a base para o aumento da produção animal, concomitantemente com a produtividade dos sistemas produtivos em níveis “ótimos”, em outras palavras, produz-se o possível de maneira sustentável. A maioria dos recursos genéticos animais carregam consigo características como: estruturas corpóreas pequenas e com menores necessidades dietéticas, elevada eficiência no uso de água, excelente habilidade materna, baixos índices de mortalidade e em sua totalidade são adaptados à ambientes hostis por fatores evolutivos. As estratégias de conservação para os recursos genéticos localmente adaptados devem incluir essas características, valorizando a potencialidade de cada espécie ou raça local em seu ambiente, permitindo o uso de maneira sustentável, conciente e equilibrada nos sistemas de produção animal. O entendimento da combinação entre os recursos genéticos localmente adaptados e o meio ambiente, esclarece a estratégia sustentável de garantir a produção animal associada à viabilidade econômica, o desenvolvimento humano, a conservação dos recursos naturais (água, solo, ar, fauna, flora, dentre outros) e a preservação do meio ambiente. Por fim, a produção máxima como resultado final não se mostra viável, ou mesmo uma estratégia produtiva recomendável, ou seja, o desenvolvimento de sistemas de produção “ótimo”, que mantenham-se em harmonia com o meio ambiente e que utilizem os recursos genéticos localmente adaptados apresenta um formato mais apropriado para a atualidade.

Palavras-chave: aquecimento global; raças nativas; sustentabilidade.



ESTRATÉGIAS PARA TRATAMENTO SELETIVO EM OVINOS NATIVOS NATURALMENTE INFECTADOS POR ENDOPARISITOSE EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Hudson de Queiroz Monteiro¹; Francisco Fernandes Feitoza Neto¹; Josiel Ferreira¹; Wallace Sóstene Tavares da Silva¹; Jacinara Hody Gurgel Moraes Leite²; Débora Andréa Evangelista Façanha¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. ²Universidade Federal da Paraíba⁵.

*hudson__monteiro@hotmail.com

A ovinocultura é uma atividade comum na região semiárida devido a rusticidade e adaptabilidade secular dos animais à região. Os rebanhos da região Nordeste brasileira vêm sofrendo tentativas de melhoria com inserção de raças exóticas, todavia, atualmente, tende-se ao reconhecimento das qualidades das raças nativas deslançadas da região. Entretanto, a problemática com as endoparasitoses continua sendo o principal obstáculo para a produção de pequenos ruminantes. O uso de medidas de tratamentos seletivo mostra-se uma boa alternativa para enfrentar esse obstáculo. Sendo assim, objetivou-se avaliar a eficiência de critérios como contagem de ovos fecais (OPG), escore Famacha[®] (F[®]) e hematócrito (HTC) na implementação de tratamento seletivo de anti-helmíntico em ovelhas nativas criadas em região semiárida. Em duas coletas feitas com intervalos de 28 dias, foram utilizadas 60 fêmeas nativas adultas, divididas em 4 grupos de acordo com o critério de tratamento, sendo 1 o grupo controle, 2 o grupo F[®], 3 o grupo OPG e 4 o grupo HTC. Foram coletadas as fezes para realização do OPG, sangue para avaliação das porcentagens de HTC e mensurou-se individualmente o escore F[®]. Entre as coletas foi administrado como princípio ativo closantel sódico a 10% de acordo com os critérios de tratamento de cada grupo. Os animais do grupo controle não apresentaram diferenças estatísticas de acordo com as duas coletas. O grupo F[®] teve o maior número de animais tratados (9). Para o grupo OPG apenas 1 animal recebeu tratamento anti-helmíntico. No grupo HTC nenhum animal foi tratado e também não apresentaram diferenças estatísticas entre os dados das duas coletas. Os animais tratados tiveram redução no escore F[®], no OPG e aumento do HTC. A grande maioria dos animais mantiveram-se pouco parasitados mesmo sem administração de anti-helmíntico, mostrando que a utilização do tratamento seletivo pode ser implementada sem perdas produtivas para os criadores. A redução do uso de anti-helmínticos é um dos principais objetivos destes tratamentos. Conclui-se que os critérios para tratamento seletivo antes da utilização de anti-helmínticos devem ser analisados de forma conjunta na seguinte ordem: F[®]>OPG>HTC, pois existem animais que apresentam escore F[®] alto, no entanto, não possuem outras variáveis que indicam infecção, podendo se tratar de animais resistentes ou resilientes as endoparasitoses.

Palavras-chave: anti-helmíntico; Famacha[®]; ovinocultura.



RELAÇÃO ENTRE AS MEDIDAS DE CONTROLE DAS ENDOPARASITOSE E INDÍCIOS DE ANEMIA CAUSADA POR HAEMONCHUS CONTORTUS EM CABRAS DA RAÇA CANINDÉ

Ana Beatriz Pinheiro Guerra¹; Josiel Ferreira¹; Sarah Diógenes Mendonça de Mattos Brito Goés^{1*}; Robson Mateus Freitas Silveira²; Ana Carla Diógenes Suassuna Bezerra¹; Débora Andréa Evangelista Façanha¹

¹Universidade Federal Rural do Semiárido. ²Universidade Estadual do Vale Acaraú.
*a.b.p.g@hotmail.com

A raça Canindé compõe uma grande parcela de rebanhos da região Nordeste brasileira, além de pertencerem a um grupo de raças localmente adaptados. Um dos principais desafios desses rebanhos está ligado as parasitoses gastrintestinais, principalmente as ocasionadas por *Haemonchus contortus*, que aumentam os índices de mortalidade e colocam o número de indivíduos da raça em decréscimo. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar a condição de medidas parasitológicas, investigando a relação entre o método Famacha© (F©), a contagem de ovos fecais (OPG) e os indícios de anemia, possivelmente causadas por *H. contortus* em cabras da raça Canindé, naturalmente infectadas em seu ambiente criatório natural, o bioma Caatinga. O trabalho foi conduzido em um rebanho localizado no estado do Rio Grande do Norte e contou com 344 medições do método de identificação e tratamento da anemia causada por vermes hematófagos usando o sistema (F©), OPG por gramas de fezes e exames sanguíneos para investigação dos valores de hematócrito (HTC, %), como padrão ouro na detecção real da anemia em fêmeas mantidas sob regime de criação extensivo, durante os períodos seco e chuvoso do ano. Do valor total de medições realizadas nas cabras, foram identificados 274 animais com registros de parasitoses gastrintestinais, identificadas pelos valores de OPG ($\mu = 327,8 \pm 326,62$), destes, foram identificados 130 registros de animais com parasitose e anêmicos e 144 registros de animais com parasitose, no entanto, não-anêmicos, segundo a classificação do sistema F©. Apesar da identificação de cerca de mais da metade dos animais com presença de ovos de vermes nas fezes, os valores para HTC em ambos os dois grupos, anêmicos ($\mu = 35,5 \pm 4,47$) e não-anêmicos ($\mu = 36,9 \pm 3,88$), apesar de estatisticamente diferentes, são muito próximos e não refletem um estado real de anemia das cabras. Em outras palavras, a grande presença de vermes pode não estar associada a prevalência do *H. contortus* ou a infecção pode não ser suficiente para causar anemia nesses animais. Não ocorreram mudanças significativas nos valores de OPG e HTC de acordo com a época do ano, sendo importante ressaltar que também não foram registradas mudanças climáticas notáveis no ano do estudo (2018-2019), principalmente na ocorrência de chuvas, influenciando fortemente os níveis de infecção anual por endoparasitoses gastrintestinais em ruminantes. O presente estudo concluiu que há uma relação contraditória entre as medidas de classificação da anemia do método F©, valores de OPG e HTC relacionadas a anemia causada por *H. contortus* em cabras da raça Canindé sob regime extensivo em região semiárida. Portanto, essas medidas devem ser melhor avaliadas para tomada de decisão nos sistemas de produção que possuem essa raça.

Palavras-chave: endoparasitoses; hematócrito; resistência.



MÉTODO FAMACHA[®] COMO CRITÉRIO DE TRATAMENTO SELETIVO NO AUXÍLIO À CONSERVAÇÃO DA RAÇA CANINDÉ. “É USUAL PARA CAPRINOS DESSA RAÇA?”

Sarah Diógenes Mendonça de Mattos Brito Goés^{1*}; Ana Beatriz Pinheiro Guerra¹; Josiel Ferreira¹; Robson Mateus Freitas Silveira²; Hudson de Queiroz Monteiro¹; Débora Andréa Evangelista Façanha¹

¹ Universidade Federal Rural do Semiárido. ² Universidade Estadual do Vale Acaraú. *E-mail do autor apresentador: sarahdegoes@gmail.com

Os caprinos que constituem a maioria dos rebanhos da região Nordeste do Brasil pertencem a raças ou grupos genéticos localmente adaptados. A raça Canindé, por exemplo, tem grande destaque nessa região e é considerada um *Patrimônio Genético Nacional*. Núcleos de melhoramento genético da raça, a fim de mitigar problemas associados à conservação da raça são comuns nesta região. As parasitoses gastrintestinais, principalmente ocasionadas por *Haemonchus contortus*, são uma das principais problemáticas que aumentam os índices de mortalidade e colocam o número de indivíduos da raça em decréscimo. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar a eficiência do método FAMACHA[®] (F[®]) no tratamento seletivo em cabras da raça Canindé. O trabalho foi conduzido em um rebanho localizado no estado do Rio Grande do Norte e contou com 344 medições de escore F[®], valores de hematócrito (HTC) e contagem de ovos por gramas de fezes (OPG), em fêmeas mantidas em regime de criação extensivo, durante os períodos seco e chuvoso. O método F[®] foi realizado por um único avaliador treinado com o auxílio do cartão guia do sistema F[®]. Para os testes teoricamente negativos para anemia (F[®] 1 e 2), foi identificado apenas 1 animal (3,44%) com escore F[®] 1, com valor de HTC de 43,5% e contagem de ovos igual a 100 OPG e para o escore F[®] 2 foram identificados 32 animais (9,30%) com média de HTC de 36,72% e média de contagem de ovos de 177,3 OPG. Já para os testes teoricamente positivos para anemia (F[®] 3, 4 e 5) e com indicações para uso de tratamento anti-helmíntico, foram identificados 154 animais (44,76%) com escore F[®] 3, apresentando média de HTC igual a 37,2% e média de contagem de ovos de 229,5 OPG, 144 animais (41,86%) com escore F[®] 4, apresentando média de HTC igual a 35,7% e média de contagem de ovos de 329,8 OPG e finalmente 12 animais (3,48%) com escore F[®] 5, apresentando média de HTC de 35,7% e média de contagem de ovos de 100 OPG. Contudo, é interessante notar o grande número de resultados falsos positivos de acordo com o método F[®], possuindo um enorme efeito sobre as medidas de controle de vermes hematófagos na população de caprinos da raça Canindé. Estes resultados permitem observar a total discordância das classificações do método com os valores de HTC, colaborando para os impactos relacionados ao aumento de resistência dos vermes aos princípios anti-helmínticos utilizados nos sistemas de produção de caprinos quando o método F[®] é utilizado rotineiramente para o diagnóstico e tratamento da anemia ocasionada por *Haemonchus contortus*. Portanto, este trabalho não sugere o uso do método F[®] para caprinos da raça Canindé e propõe a elaboração de novas faixas de HTC associadas aos escores de 1 a 5, uma vez que, o uso incorreto do método pode trazer grandes prejuízos para o desenvolvimento da raça.

Palavras-chave: *Haemonchus contortus*; hematócrito; caprinos nativos.



MEL DE TIÚBA: AUMENTO DA PRODUÇÃO DE MEL POR MEIO DA MELIPONICULTURA MIGRATÓRIA EM SATUBA, MARANHÃO, BRASIL

Gabriel Garcês Santos^{1*}; Sérgio da Silva Lima¹; André de Sena Rodrigues¹; Gustavo Lucas Bezerra Tinoco¹; Hugo Almeida Ferreira¹; Jonas Alves Mesquita²; Thailson de Jesus Santos Silva¹; José de Ribamar Silva Barros¹

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. *gabrielsantos6@aluno.uema.br

A Meliponicultura (criação de abelhas nativas sem ferrão) é uma atividade de alta relevância, pois constitui uma ótima alternativa para o aumento da renda familiar e manutenção do ecossistema local. Contudo a produção de mel de abelhas sem ferrão ainda é baixa se comparado ao mel de *Apis*. Nesse sentido surge uma ferramenta capaz de ajudar a melhorar essa produção, a meliponicultura migratória, que consiste em migrar colmeias de locais com pouca floração para outros com boa floração, logo podendo obter produção de mel o ano inteiro. Tendo em vista o exposto, o trabalho objetivou avaliar a produção do mel por meio da meliponicultura migratória em colmeias de Tiúba (*Melipona fasciculata* Smith) no povoado de Satuba, em Santo Amaro do Maranhão. A migratória foi realizada da cidade de São Luís para o povoado de Satuba, migrando-se vinte e quatro colmeias. Para fins comparativos, todas as colmeias foram pesadas antes da migratória e foram pesadas no período em que ficaram em Satuba. A análise das médias de peso foi realizada utilizando o teste t de Student, através do programa Past3, para duas amostras relacionadas, onde o peso médio antes da migratória foi Como resultado da análise estatística foi obtido p-valor igual à 0,0431, valor inferior à 0,05, logo, rejeitou-se a hipótese nula ($H_0: \mu_a = \mu_d$) e aceitou-se a hipótese alternativa ($H_a: \mu_a < \mu_d$), caracterizando assim que houve aumento significativo no peso bruto das colmeias após a última pesagem. Levando em consideração que o aumento de peso das colmeias pode ter sido ocasionado por vários fatores, optou-se por realizar o teste de Correlação de Pearson. O teste mostrou que a diferença de peso entre as duas pesagens está significativamente relacionada à produção de mel, já que o p-valor encontrado foi de 0,00000001158, portanto, rejeitou-se $H_0: \mu_a = \mu_d$ e aceitou-se $H_a: \mu_a < \mu_d$, mostrando que o mel foi o principal fator no ganho de peso das colmeias. Conclui-se que as colmeias de *M. fasciculata* Smith apresentaram diferença significativa entre as duas pesagens, tendo a média de peso bruto depois da migratória maior que antes da mesma. O aumento na produção de mel se tornou evidente e mostrou que a meliponicultura migratória se faz viável para o aumento da produção em épocas em que em uma determinada região não há florada disponível para as abelhas.

Palavras-chave: meliponicultura migratória; Santo Amaro do Maranhão; tiúba.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa e Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão e a Universidade Estadual do Maranhão.



MEL DE TIÚBA: AUMENTO DA PRODUÇÃO DE MEL POR MEIO DO MELHORAMENTO GENÉTICO DE RAINHAS DE *Melipona fasciculata* SMITH DA BAIXADA MARANHENSE, BRASIL

Gabriel Garcês Santos^{1*}; Carlos Alberto de Sampaio Monteiro Neto¹; Jonas Alves Mesquita²; José de Ribamar Silva Barros¹

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. *gabrielsantos6@aluno.uema.br

No Estado do Maranhão a Tiúba (*Melipona fasciculata* Smith) desempenha um importante papel na geração de renda de produtores, através do aumento da produtividade agrícola e principalmente a produção de mel. Contudo a produção de mel de abelhas sem ferrão ainda é baixa se comparado ao mel de *Apis*. Sendo assim torna-se necessário como alternativa o melhoramento genético dessa espécie com intuito de aumentar a produtividades sem que haja desequilíbrio na população. A metodologia utilizada foi a de Vencovsky e Kerr (1982). As colônias foram divididas em três grupos, baseado no caráter velocidade de coleta das 25% com a maior produtividade, 50% intermediárias e 25% menos produtivas. As rainhas do grupo das mais produtivas foram introduzidas no grupo das menos produtivas. A estimativa da resposta à seleção foi obtida pela diferença das estimativas das médias dos resultados referentes ao tempo de coleta dos grupos A e C, após e antes a seleção. O valor de diferencial de seleção foi encontrado a partir da diferença da média dos indivíduos selecionados pela média da população. A partir quadrado médio entre colmeias e dentro de colmeias foi possível calcular a σ^2_G (Variação genética) e σ^2_E (Variação ambiental), respectivamente. A partir da σ^2_G e σ^2_E foi possível calcular o coeficiente de repetibilidade, sendo ele responsável por representar a capacidade da população em repetir esses resultados, apresentando assim o valor de $r = 0.274978$. O erro padrão do coeficiente de repetibilidade (dr) foi obtido pela fórmula de Fisher, obtendo-se $r = 0.274978 \pm 0.059672$. Dessa forma, a variação entre colmeias é maior que a variação dentro de colmeias. A seleção foi baseada na fórmula adotada por Barros (2006), onde foi obtido um valor de 2×10^{-1} gramas de mel/segundo, sendo um valor superior ao encontrado por Barros (2006), que foi de 9.236×10^{-5} gramas de mel/segundo. O valor encontrado para diferencial de seleção foi de 1.292063 gramas de mel/por segundo. O melhoramento foi efetivo para esse experimento, os valores encontrados para resposta a seleção foram superiores aos encontrados na literatura, porém não obtivemos um aumento no valor consumido nos alimentadores, podendo ser justificado por fatores externos, sendo necessário um experimento em campo para comprovar a eficiência do experimento.

Palavras-chave: melhoramento genético; aumento da produtividade; geração de renda.

Agradecimentos: Universidade Estadual do Maranhão.



INCIDÊNCIA DE CARCINOMA DE CÉLULAS ESCAMOSAS EM OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA, VARIEDADE BRANCA

Wanderson Lucas Alves dos Santos^{1*}; Daniel Caetano Sales¹; Josiel Ferreira¹;
José Ernandes Rufino de Sousa¹; Jael Soares Batista¹; Débora Andréa
Evangelista Façanha¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. * wandersonlucas93@hotmail.com

O Carcinoma de Células Escamosas (CCE) é um tumor maligno que atinge os queratinócitos, afetando equinos, bovinos, cães e gatos, menos incidente em ovinos e raro em caprinos. A etiologia é relacionada com a exposição contínua e prolongada da pele despigmentada e/ou sem pelos aos raios ultravioletas ou a partir de lesões prévias. No Brasil, estudos tem buscado mapear incidência dessa patologia, as principais espécies e raças acometidas e seu impacto na pecuária. Assim objetiva-se relatar a incidência CCE em um rebanho de ovinos nativos da raça Morada Nova, variedade branca cujo efetivo nacional entrou em declínio nas últimas décadas, colocando-a em risco de extinção; vista a carência de estudos anatomopatológicos envolvendo essa variedade. Para isso, duas fêmeas, adultas, da variedade branca, criadas em um sistema semi-intensivo, de um rebanho de 33 animais pertencentes ao Núcleo de Conservação da Raça Morada Nova da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), em Mossoró/RN; foram submetidas ao exame clínico e, posteriormente, realizada a coleta de fragmentos da lesão que foram fixadas em formol a 10% e enviadas ao Laboratório de Patologia Animal, da UFERSA, processadas de forma rotineira e submetidas à coloração de hematoxilina e eosina (HE). As lesões encontradas na região distal das orelhas apresentavam acentuada hiperqueratose cujo aspecto se assemelhava a uma couve-flor, se estendendo progressiva e medialmente para o conduto auditivo. Histologicamente, observou-se a proliferação de células epiteliais escamosas neoplásicas, arranjadas em cordões, separadas por quantidade moderada de tecido conjuntivo. As células neoplásicas apresentavam-se pleomórficas, com núcleos gigantes, hipercromáticos, nucléolos evidentes e figuras de mitoses, além de presença de pérolas córneas. Os ovinos Morada Nova da variedade branca possuem pele despigmentada, facilitando o desenvolvimento de algumas patologias cutâneas, como o CCE, relacionadas ao elevado índice de radiação solar na maior parte do ano da região Nordeste do Brasil, assim, conferindo menor grau de proteção, razões que levaram ao declínio do número efetivo destes animais, quando comparada à variedade vermelha; porém, não menos produtiva. A continuidade de estudos acerca da estrutura da pele dessa variedade torna-se importante a fim de compreender as patologias cutâneas as quais estão expostas e, portanto, contribuir para o aperfeiçoamento dos caracteres zootécnicos de interesse, elevando o potencial produtivo da raça, reestabelecimento do efetivo e, conseqüentemente, fortalecendo a pecuária regional.

Palavras-chave: despigmentação; enfermidades; ovinos.



MEL DE TIÚBA: AUMENTO DA PRODUÇÃO DE MEL POR MEIO DA MELIPONICULTURA MIGRATÓRIA EM PALMEIRÂNDIA-MA

Gustavo Lucas Bezerra Tinoco^{1*}; Diego Marques Costa Silva¹; Hugo Almeida Ferreira¹; Laelson Rodrigues Ferreira e Ferreira¹; Gabriel Garcês Santos¹; José de Ribamar Silva Barros¹

¹Universidade Estadual do Maranhão. *gusttavolucas10@gmail.com

A criação da espécie *Melipona fasciculata* Smith, conhecida como abelha Tiúba, desempenha um importante papel econômico como fonte de renda, principalmente para agricultores familiares do interior do Estado do Maranhão. Também ocupa lugar de destaque dentre as abelhas sem ferrão mais promissoras para produção de mel no Brasil. Na região da Baixada Maranhense a abelha Tiúba possui grande destaque, sendo amplamente criada pelos meliponicultores. O presente trabalho teve por objetivo estudar o aumento da produção de mel por meio da meliponicultura migratória, que consiste na migração de colônias quando a florada da região não é suficiente para a manutenção da produção para uma região onde há disponibilidade de florada. Foram migradas 30 colmeias com *M. fasciculata* Smith de São Luís (MA) para a cidade de Palmeirândia (MA), localizada na Baixada Maranhense. Para fins comparativos, todas as colmeias foram pesadas antes da migração e após o período de sete meses que passaram em Palmeirândia. Na primeira pesagem as colmeias apresentaram peso bruto médio de 5488.7667 ± 882.3993 g, enquanto que na segunda pesagem o peso bruto médio foi de 5668.6667 ± 976.6121 g. Para a comparação dos pesos brutos antes e depois da migratória foi utilizado o teste t de Student, através do software BioEstat 5.0 para duas amostras relacionadas, onde o valor de p foi igual à 0,0465, como o valor de p encontrado foi inferior à 0,05, rejeitou-se a hipótese nula ($H_0: \mu_a = \mu_d$) e aceitou-se a hipótese alternativa ($H_a: \mu_a < \mu_d$), caracterizando aumento significativo no peso bruto das colmeias após a segunda pesagem. Considerando que esse aumento de peso pode ter sido ocasionado por vários fatores como pólen, discos de cria, cera, geoprópolis e mel, foi utilizado o coeficiente de correlação de Pearson e mostrou que a diferença de peso entre as duas pesagens está significativamente relacionada à produção de mel, já que o valor de p encontrado foi de 0,0007, portanto, rejeitou-se $H_0: \rho = 0$ e aceitou-se $H_a: \rho \neq 0$. Diante disso, pôde-se concluir que as colmeias de *M. fasciculata* Smith utilizadas na migratória apresentaram, no peso bruto, diferença significativa entre as duas pesagens, tendo a média de peso bruto depois da migratória maior que antes da mesma. O aumento na produção de mel foi significativo e mostrou que a meliponicultura migratória se faz viável para aumento da produção em épocas em que não há florada disponível para as abelhas.

Palavras chaves: produtividade; meliponíneos; migração

Agradecimentos: Universidade Estadual do Maranhão-UEMA



EFEITO DA HETEROSE PARA A PRODUÇÃO DE LEITE EM VACAS GIROLANDO COM DIFERENTES ORDENS DE LACTAÇÃO

Darlene dos Santos Daltro¹; Renata Negri¹; Jaime Araújo Cobuci¹

¹Grupo de Pesquisa MegaGen. Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
*darlenedaltro@gmail.com.

No Brasil, a raça Girolando foi originada a partir do cruzamento entre as raças Holandesa e Gir. Assim esse cruzamento trouxe efeitos de heterose favorável para as características de produção, fertilidade e sobrevivência, resultando em um aumento da lucratividade. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da heterose sobre a produção de leite até 305 dias nas três primeiras lactações de vacas Girolando. Foram utilizados um total de 400.328 registros de produção de leite no dia do controle de 39.077 vacas da raça Holandesa (H), Gir (G) e seis grupos genéticos de vacas Girolando (1/2 H, 1/4 H, 3/4 H, 3/8 H, 5/8 H e 7/8 H), pertencentes de 822 rebanhos coletadas no estado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2014. O registro genealógico incluiu 36.640 animais. Os parâmetros genéticos foram obtidos usando o software AIREMLF90. O modelo animal incluiu o efeito genético aditivo direto e o resíduo (como efeitos aleatórios), o efeito fixo de grupo contemporâneo, raça e heterose e a covariável idade da vaca com termo linear (como efeitos fixos). A média de produção de leite até 305 dias (P305) variou de 3333,35 a 6960,89 kg para as três primeiras lactações. Houve um aumento nos valores médios da P305 no decorrer das lactações para todos os grupos genéticos. Além disso, nas duas primeiras lactações, os grupos genéticos H, 7/8H, 3/4H e 1/2H foram superiores para a P305. Por outro lado, as vacas dos grupos genéticos G e 1/4H, independente da ordem de lactação apresentaram os menores desempenhos para a P305. As estimativas de herdabilidade para P305 foram maiores na primeira lactação ($0,22 \pm 0,02$). Nas vacas de primeira e segunda lactação, o efeito de heterose foi superior para animais do grupo genético 1/2H com uma superioridade média de produção de leite em relação aos pais de 1034,33 kg e 1303,94 kg, respectivamente. No entanto para as vacas de terceira lactação, os efeitos de heterose mais expressivos foram observados nas vacas dos agrupamentos genéticos 5/8H e 3/8H. Assim, podemos inferir que os animais desses agrupamentos conseguiram manter o efeito da heterose ao longo das lactações, enquanto os do grupo 1/2H não conseguiram manter o efeito benéfico da heterose até a terceira lactação. Em geral, os resultados indicam que os criadores locais podem promover uma melhoria na produção de leite por meio do aproveitamento do efeito da heterose nas diferentes lactações, sendo mais expressivo nas duas primeiras lactações.

Palavras-chave: bovinos leiteiros; cruzamento; herdabilidade.

Agradecimentos: CAPES (Código de Financiamento 001) e CNPq, pelo fornecimento de bolsa PQ.



EFEITOS DE HETEROSE E RECOMBINAÇÃO PARA A CURVA DE LACTAÇÃO EM VACAS GIROLANDO

Darlene dos Santos Daltro¹; Jaime Araújo Cobuci¹

¹Grupo de Pesquisa MegaGen, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. E-mail: *darlenedaltro@gmail.com.

A raça Girolando foi criada no Brasil a partir do cruzamento entre as raças Gir e Holandesa, trazendo benefícios para as características produtivas pela manifestação do efeito favorável da heterose. O objetivo deste trabalho foi avaliar os efeitos de heterose e recombinação sobre os componentes da curva de lactação em bovinos de raça Girolando. Foram utilizados um total de 96.431 registros de produção de leite no dia do controle de 12.121 vacas da raça Holandesa (H), Gir (G) e seis grupos genéticos de vacas Girolando (1/2 H, 1/4 H, 3/4 H, 3/8 H, 5/8 H e 7/8 H), pertencentes a rebanhos do estado de Minas Gerais. O modelo utilizado incluiu efeitos aleatórios de rebanho e de vaca, coeficiente de regressão associado ao efeito linear de proporção de genes da raça H; coeficiente de regressão associado ao efeito linear da heterose entre as raças H e G; coeficiente de regressão associado ao efeito linear de recombinação entre as raças H e G; e efeito residual. A média para a produção de leite no dia controle (PLDC) e produção de leite até 305 dias (P305) estimada para os diferentes grupos genéticos variaram de 12,52 kg a 17,76 kg e de 3085,18 kg a 4974,07 kg, respectivamente. A média da duração da lactação (DL) variou de 272,11 a 345,49 dias nos diferentes grupos genéticos, sendo maior para os grupos 7/8H e 3/4H. O pico de lactação (PP) variou de 16,83 a 22,83 kg, sendo que os grupos H, 7/8H e 3/4H superiores em relação aos demais grupos genéticos. No mesmo sentido, o tempo ao pico (TP) variou de 77,97 a 99,07 dias, com maiores valores observados para os grupos 3/4H e 7/8H. Os efeitos de heterose e recombinação foram significativos ($P < 0,05$) para a maioria das características, exceto o efeito de heterose para DL e, efeito de recombinação, para TP. Houve efeito de heterose positivo para as características PLDC ($3,33 \pm 0,27$ kg), P305 ($945,62 \pm 79,17$ kg), PP ($3,64 \pm 0,29$ kg) e TP ($7,07 \pm 2,52$ dias). Houve efeito de recombinação negativo para as características PLDC, P305 e PP. No entanto, as características DL e TP apresentaram efeito positivo de recombinação de $19,79 \pm 6,61$ dias e $11,83 \pm 2,91$ dias, respectivamente. Os resultados indicam que as vacas Girolando apresentaram superioridade média em relação aos seus pais de raça pura para todas as características. Entretanto, os efeitos de recombinação estimados foram negativos para a maioria das características, exceto para a duração da lactação e o tempo ao pico em vacas Girolando. Assim, os criadores locais podem promover uma melhoria na produção de leite por meio do aproveitamento do efeito da heterose.

Palavras-chave: bovinos leiteiros; pico de lactação; produção de leite.

Agradecimentos: CAPES (Código de Financiamento 001) e CNPq, pelo fornecimento de bolsa PQ.



TESTE DE PATERNIDADE E MATERNIDADE COMO FERRAMENTA: OTIMIZANDO A REPRODUÇÃO DE *Astyanax lacustris* EM CULTIVO

Yasmin Garcia¹; Caio Augusto Gomes Goes ¹; Caio Felipe Silva¹; Fernanda Dotti do Prado¹; George Shigueki Yasui²; Fábio Porto-Foresti¹.

¹ Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Bauru, SP.² Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Aquática Continental (CEPTA), ICMBio, Pirassununga, SP. *yasmin.garcia@unesp.br

Os peixes estão entre os grupos mais produzidos na aquicultura mundial e no Brasil seu cultivo vem aumentando, principalmente como uma resposta ao crescimento do consumo alimentar e como uma alternativa à pesca extrativista. Apesar da produção ser representativa, a demanda por peixes vem crescendo desproporcionalmente, trazendo a necessidade de padronização de técnicas que visem o aumento da produtividade, como a aplicação de ferramentas genéticas, ainda pouco utilizadas no país. Para tal, o teste genético de paternidade e maternidade, além do uso de marcadores microssatélites, se mostram análises eficazes que identificam os indivíduos que participam de um processo reprodutivo através do direcionamento de cruzamentos. Para a aplicação da técnica, utilizou-se a espécie *Astyanax lacustris* (lambari do rabo amarelo) pertencente à família Characidae, por ser uma das espécies nativas que apresenta maior taxa de sobrevivência para larvas e juvenis, com grande importância ecológica e econômica, já que apresenta rápido crescimento e maturidade sexual, o que facilita o manejo e aumenta a produtividade em cultivo. Foram testadas três reproduções, nas proporções 5:1, 4:2 e 3:3 machos: fêmeas, respectivamente, utilizando o método de reprodução seminatural. Sete *loci* microssatélites foram amplificados e genotipados para a análise da quantidade de indivíduos que participaram da reprodução utilizando o programa Colony 2.0.6.4 para o teste de paternidade e maternidade. Os resultados demonstraram que o número de fêmeas que reproduz gerando descendentes é padrão, prevalecendo apenas uma em cada cruzamento testado, enquanto o número de machos é variável: 3 reproduziram no cruzamento 1, 2 no cruzamento 2 e 1 no cruzamento 3, evidenciando que as condições do espermatozoide, como motilidade e concentração, influenciam significativamente na capacidade reprodutiva e na proporção final. Dessa forma, entende-se que é mais eficiente utilizar um número maior de machos para aumentar as chances de reprodução, e apenas uma fêmea, que será responsável pela geração de todos os descendentes. A padronização da análise de parentesco através do uso de marcadores microssatélites, mostra-se um recurso genético eficiente para ser aplicada em cultivo e na melhora da produtividade, podendo ser testada para outras espécies.

Palavras-chave: peixes; reprodução; molecular.

Agradecimentos: FAPESP, CAPES, ICMBio.



AVALIAÇÃO DA COMPOSIÇÃO POLÍNICA DE AMOSTRAS DE MEL DE *Melipona fasciculata* ORIUNDAS DA BAIXADA MARANHENSE, MA

André de Sena Rodrigues^{1*}; Gabriel Garcês Santos¹; Jonas Alves Mesquita²;
Thailson de Jesus Santos Silva¹; Gustavo Lucas Bezerra Tinoco¹; Luana
Correa Silva¹; José de Ribamar Silva Barros¹

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. *andresena002@outlook.com

O conhecimento das espécies vegetais que são fonte de suprimento de pólen e néctar para as abelhas é importante para maximizar a utilização desses recursos e estabelecer o desenvolvimento de uma atividade sustentável. Um dos métodos utilizados para se caracterizar as plantas apícolas utilizadas pelas abelhas é a contagem dos grãos de pólen presentes no mel. Essa análise polínica do mel, denominada melissopalinologia, é uma das ferramentas da palinologia que permite identificar a origem botânica e geográfica do mel e ainda obter informações sobre seu processo de extração e filtração. Com isso o objetivo deste estudo foi identificar a origem botânica dos tipos polínicos presentes em amostras de méis de Tiúba (*M. fasciculata*), coletadas na Baixada Maranhense, Maranhão. Em cada município, as amostras foram coletadas de três colmeias de Tiúba. As amostras foram levadas para o Laboratório de Apicultura e Meliponicultura (LAPIMEL) e foram submetidas à acetólise. Após o procedimento da acetólise montou-se 3 lâminas por amostra de mel e em seguida identificou-se e contou-se os grãos de pólen com o auxílio de um microscópio óptico. A identificação dos tipos polínicos foi baseada em literatura especializada, na palinoteca existente no LAPIMEL. A frequência polínica foi calculada mediante a contagem de 500 grãos de pólen nas amostras de mel, estabelecendo-se as suas porcentagens e classes de ocorrência. Verificou-se nas amostras de méis a presença de 30 tipos polínicos, representados por 17 famílias de plantas, distribuídas nas diferentes classes de ocorrência, como apresentado na tabela abaixo. As famílias com maior diversidade de plantas foram Myrtaceae (5) e Fabaceae Mimosideae (5). Trabalhos realizados também constataram uma maior diversidade de plantas na família Fabaceae. Além de disto a família Fabaceae Mimosideae apresentou frequência dominante (Pólen dominante) em quase todas as amostras em que ocorreram, ao contrário da família Myrtaceae que mesmo bem diversificada apresentou baixa frequência nas amostras, como, Pólen isolado importante (Pli) e Pólen importante ocasional (Pio). Diante disso, apesar de autores considerarem a Tiúba uma espécie generalista, suas fontes polínicas com maior importância à sua necessidade proteica no local de estudo foram: Fabaceae, Melastomataceae, Solanaceae e Arecaceae.

Palavras-chave: Diversidade; recursos botânicos; tiúba.

Agradecimentos: Universidade Estadual do Maranhão.



EFEITO DE HETEROSE NA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS DA RAÇA GIROLANDO

Maiara Taiane Vieira^{*1}; Darlene dos Santos Daltro¹; Giovani Luis Feltes¹;
Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva²; Jaime Araujo Cobuci

¹Grupo de Pesquisa MegaGen, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre/RS. ²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG. *E-mail do autor apresentador: maiarataiane_9@hotmail.com

O uso de cruzamentos é uma ferramenta de suma importância no melhoramento genético animal, pois permite a exploração da heterose e da complementariedade para as características de interesse econômico na pecuária leiteira nacional. Com isso, o objetivo foi avaliar o efeito de heterose da idade ao primeiro parto (IPP) de vacas da raça Girolando. Foram utilizados 14.159 registros de vacas das raças Holandesa (H), Gir (G) e seis grupos genéticos que compõe a raça Girolando (1/2H, 1/4H, 3/4H, 3/8H, 5/8H e 7/8H) coletados no período de 1990 a 2012 no Estado de Minas Gerais. A IPP foi calculada como o número de dias do nascimento até o primeiro parto do animal, onde registros inferiores a 545 e superiores a 1280 dias foram excluídos, para eliminar lactação anterior não registrada devidamente. Os coeficientes de heterose foram estimados através de modelos lineares mistos pelo procedimento MIXED no SAS. Conforme esperado, observou-se efeito de heterose significativo ($P < 0,001$) e negativo (favorável) para a IPP, sendo de -104,04 dias de efeito de heterose, o que representou 10,03% na redução da IPP quando comparada com a média dos seus pais puros. Esse ganho com o efeito de heterose para a IPP é importante na pecuária leiteira, pois é através da primeira concepção que se torna viável a produção de leite, além disso, quanto mais precoce for o parto da vaca, mais cedo ocorrerá a vida produtiva, o que implica na redução dos custos indiretos, como a manutenção e a mão de obra e animais mestiços são menos dependentes de insumos e tecnologia. Sabendo do expressivo efeito de heterose sobre a IPP, é possível fazer o uso de cruzamentos entre as raças Holandesa e Gir, visando introduzir genes desejáveis para melhorar a performance reprodutiva do rebanho e incrementar a produção de leite, pois animais com menor IPP tendem a apresentar maior produção de leite ao longo da sua vida produtiva e tem mais chances de chegarem a segunda lactação, o que acarretará em maior rentabilidade para os sistemas de produção de leite. O uso de cruzamento é uma boa alternativa para os criadores nacionais se beneficiarem do efeito de heterose nos ganhos reprodutivos que irá impactar em maior desenvolvimento da cadeia láctea e, assim, elevar a eficiência econômica.

Palavras-chave: Girolando; Heterose; Idade ao primeiro parto



AVALIAÇÃO DA COMPOSIÇÃO FÍSICA E QUÍMICA DE AMOSTRAS DE MEL DE *Melipona fasciculata* Smith ORIUNDAS DA BAIXADA MARANHENSE, MA

André de Sena Rodrigues^{1*}; Gabriel Garcês Santos¹; Jonas Alves Mesquita²; Thailson de Jesus Santos Silva¹; Luana Correa Silva¹; José de Ribamar Silva Barros¹.

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. *andresena002@outlook.

No Maranhão a criação da abelha *Melipona fasciculata* Smith, conhecida popularmente como "Tiúba", além de desempenhar um importante papel ecológico apresenta grande importância econômica. A produção de mel é bem favorecida por conta dos ecossistemas presentes na região, fazendo com que o mel da região tenha características únicas. O objetivo deste foi avaliar a qualidade físico-química e caracterizar o mel de Tiúba, na Baixada Maranhense. Dentre as análises realizadas estão: umidade, °Brix (sólidos solúveis), pH, cinzas, hidroximetilfurfural e açúcares redutores. Para a determinação da umidade do mel, foi usado o método refratométrico de Chataway, o qual se obteve também o peso específico e o °Brix. O HMF foi realizado através do método espectrofotométrico a 284 e 336 nm. A quantidade de cinzas nos méis foi determinada através da incineração das amostras em mufla aquecida a 600 °C. O pH foi medido utilizando-se 5 ml de mel com 5 ml de água destilada. Os açúcares redutores pelo método A do Instituto Adolf Lutz. Os resultados mostram que a umidade média foi de 21,14%, estando acima do que a legislação brasileira permite (20%), contudo observa-se que 23% das amostras ficaram com umidade abaixo de 19%. Os resultados destas amostras são menores que os relatados por outros autores, onde verificou que o mel de abelhas nativas possui umidade média em torno de 25,25%. O valor de °Brix ou sólidos solúveis encontrado (valor médio de 79,53%) é o mesmo relatado em outros trabalhos. O valor médio encontrado para o pH dos méis analisados foi de 3,24. As amostras analisadas quanto a hidroximetilfurfural (HMF) variaram de 12,87 mg.kg⁻¹ a 71,68 mg.kg⁻¹, estando duas amostras fora dos parâmetros de aceitabilidade das Normas do Ministério da Agricultura e do Abastecimento que estabelece um valor no máximo de 60 mg.kg⁻¹. Os conteúdos de Açúcares Redutores obtido nas amostras analisadas foram 16,14%, a 86,74%. A legislação brasileira vigente (para abelhas com ferrão) ressalta que méis devem possuir no mínimo 60% de açúcares redutores. Contudo méis de melíponas possuem menor teor de açúcares redutores (geralmente menor que 70%). Em relação as cinzas, cinco amostras apresentarem quantidade de cinzas acima do recomendado, que é 0,1%, indo de 0,4% a 0,17%. Foram verificadas diferenças significativas entre os méis de abelhas com ferrão em relação a alguns parâmetros físico-químicos.

Palavras-chave: Mel; qualidade; tiúba.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa e ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão e a Universidade Estadual do Maranhão.



EFEITO DE HETEROSE NO PRIMEIRO INTERVALO ENTRE PARTOS EM BOVINOS DA RAÇA GIROLANDO

Maiara Taiane Vieira^{*1}; Darlene dos Santos Daltro¹; Giovani Luis Feltes¹;
Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva²; Jaime Araujo Cobuci¹

¹Grupo de Pesquisa MegaGen, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre/RS. ²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG. *maiarataiane_9@hotmail.com

O desempenho reprodutivo é um dos principais fatores que influenciam na eficiência e lucratividade nos sistemas de produção de leite. Dessa forma, tem se utilizado em larga escala a utilização de cruzamentos entre as raças Holandesa e Gir, com o intuito de aliar produtividade e adaptabilidade dos animais. O objetivo foi avaliar o efeito de heterose para o primeiro intervalo entre partos (PIEP) de diferentes grupos genéticos que compõe a raça Girolando, representados pelos coeficientes de heterose (0,250; 0,500; 0,750 e 1,00). Foram utilizadas informações de 6.719 vacas das raças Holandesa (H), Gir (G) e seis grupos genéticos da raça Girolando (1/2H, 1/4H, 3/4H, 3/8H, 5/8H e 7/8H) coletados no período de 1992 a 2015 no Estado de Minas Gerais. O PIEP foi calculado pela diferença em dias entre o segundo e primeiro partos, sendo que valores inferiores a 300 ou superiores a 800 foram eliminados para que não houvesse falha dos registros de partos sucessivos. O modelo animal utilizado incluiu o efeito genético aditivo direto e o efeito residual como aleatórios, efeitos sistemáticos de rebanho, ano de parto, estação (considerando estação seca e chuvosa) de parto, raça e heterose e a idade da vaca (linear) ao parto em meses como covariável. O coeficiente de heterose 0,250 (representado pelo grupo genético 7/8H) não apresentou efeito de heterose, o que se justifica por ser uma composição racial que se aproxima da raça Holandesa. Enquanto o coeficiente de heterose 0,500 (representado pelos grupos genéticos 5/8H ou 1/4H) apresentou efeito de heterose positivo (111,76±98,77 dias). Logo, o uso de cruzamento para a formação desse coeficiente de heterose não é vantajoso quando o interesse dos produtores for a redução do PIEP do seu rebanho, pois o efeito positivo implica em aumento do PIEP ao invés de reduzir. No entanto, as vacas pertencentes aos coeficientes de heterose 0,750 (representado pelos grupos genéticos 5/8H ou 3/8H) e 1,00 (que representa o grupo genético 1/2H) apresentaram efeito de heterose negativo (favorável) de -12,25 e -79,20 dias, respectivamente. O efeito de heterose mais expressivo foi observado nas vacas que pertencem ao grupo genético 1/2H, o que é esperado, pois quanto mais distantes forem as raças parentais (*Bos taurus taurus* x *Bos taurus indicus*) maior a expressão do efeito de heterose. Os cruzamentos permitem obter menores PIEP, estando diretamente ligada a eficiência reprodutiva das propriedades leiteiras e incrementando na rentabilidade da produção leiteira nacional.

Palavras-chave: Girolando; Heterose; Intervalo entre partos



Recursos Genéticos Animais

4- Biotecnologia aplicada



PERFIL FOLICULAR E CONTAGEM DE FOLÍCULOS ANTRAIS (CFA) EM FÊMEAS DA ESPÉCIE EQUINA

Renan Guilherme Mota¹; Gustavo Romero Gonçalves²; Marcelo Marcondes Seneda³.

¹ Médico Veterinário de Campo; renangmota18@gmail.com

² Centro Universitário Ingá;

³ Universidade Estadual de Londrina.

Durante muitos séculos de seleção intuitiva e fenotípica dentro da espécie equina em diferentes regiões do mundo, foram priorizadas características condicionadas a cultura local, preferências físicas e melhor aptidão a determinadas funções e atividades. A avaliação e aplicação de características reprodutivas foram preteridas em função de outras até meados do século XX, quando a busca por animais mais férteis ou melhor adaptados a determinadas técnicas de reprodução passou a ter mais visibilidade e espaço dentro do melhoramento dos equinos. Diante desse cenário ocorre uma busca constante por conhecimentos básicos e mais aprofundados de fisiologia e características reprodutivas de machos e fêmeas. Essa pesquisa teve por base científica a melhor compreensão e esclarecimentos quanto a constância e padronização no número de folículos antrais produzidos por fêmea durante cada ciclo estral. Foram utilizadas 14 éguas da raça Quarto de Milha durante 4 ciclos estrais consecutivos, avaliando a contagem de folículos antrais (CFA) através de dinâmica folicular ovariana por meio de ultrassonografia transretal. Foi observado um comportamento semelhante em cada ciclo, onde nenhum animal apresentou diferença maior que 4 folículos antrais a mais ou menos entre os subsequentes períodos reprodutivos. Apesar da inexistência de correlação estatística ($P > 0,05$), a análise de variância realizada de forma comparativa entre dois dos ciclos, permitiu a demonstração de uma correlação baixa a moderada (0,3 à 0,7). Esses dados permitem vislumbrar a existência de repetibilidade de um padrão folicular, ou seja, possivelmente uma égua apresentaria um número de folículos antrais semelhante a cada ciclo, dentro de um intervalo com uma contagem máxima e mínima. Também permite avaliar uma particularidade já determinada dentro da espécie bovina, onde existem vacas de baixa, média ou alta contagem folicular. O conhecimento desses possíveis padrões permitiria a alocação dessas fêmeas em grupos de animais melhores adaptados a uma determinada biotécnica reprodutiva. Os dados e valores observados acrescentam novas perspectivas dentro das características genéticas reprodutivas das fêmeas da espécie equina, que ainda necessitam mais explanação, obtenção de maiores grupos avaliados e aumento da repetibilidade das análises.

Palavras-chave: Éguas; Fertilidade; Reprodução.



EFEITO DA *ALOE VERA* NA MORFOLOGIA E NO DESENVOLVIMENTO FOLICULAR APÓS CULTIVO *IN VITRO* DE TECIDO OVARIANO VITRIFICADO DE BOVINOS

Francisco das Chagas Costa^{1*}; Erlândia Márcia Vasconcelos¹; Venância Antônia Azevedo¹; Efigênia Cordeiro Barbalho¹; Ernando Igo Teixeira¹; Anderson Weiny Barbalho¹; José Roberto Silva¹; Ana Liza Paz Souza¹

¹UFC – Universidade Federal do Ceará, Laboratório de Biotecnologia e Fisiologia da Reprodução (LABIREP), Sobral, CE, Brasil. *biofrankcosta@hotmail.com

A vitrificação de tecido ovariano é uma estratégia promissora na conservação de material genético de animais de alto valor genético ou em risco de extinção. Entretanto, esse procedimento gera espécies reativas de oxigênio podendo provocar danos à estrutura folicular e tecidual, comprometendo o desenvolvimento *in vitro* do gameta após a vitrificação. Por isso, a suplementação da solução de vitrificação (SV) com substâncias antioxidantes têm sido proposta. Assim, o extrato de *Aloe vera* (AV) apresenta-se com alternativa, já que possui em seu conteúdo mais de 75 compostos potencialmente ativos, fazendo com que a planta apresente importantes propriedades farmacológicas, dentre elas a atividade antioxidante. Dito isso, o objetivo desse estudo foi adicionar 10 ou 50% de extrato de AV na solução de vitrificação e avaliar os seus efeitos sobre parâmetros morfológicos e de desenvolvimento folicular após cultivo *in vitro* de tecido ovariano bovino submetido à vitrificação. Para tanto, fragmentos ovarianos bovinos foram colocados em poços contendo 2 ml de SV composta por α -MEM suplementado com 10% de soro fetal bovino, 0,25 mol/L de sacarose, 3M de dimetilsulfóxido e 0, 10 ou 50% de extrato de AV. Após 5 minutos de exposição à SV, os fragmentos foram vitrificados em superfície sólida e armazenados por 2 semanas. Em seguida, os fragmentos foram reaquecidos e cultivados *in vitro* por 6 dias em α -MEM suplementado com BSA, glutamina, hipoxantina, penicilina e ITS. Após isso, os fragmentos foram processados histologicamente. Dados de normalidade, classe e ativação folicular foram submetidos ao teste de Tukey e a comparação entre os tratamentos ao teste de Kruskal-Wallis ($P < 0,05$). Fragmentos vitrificados na presença de 10% de AV apresentaram níveis maiores de folículos saudáveis quando comparados com o grupo vitrificado sem AV. Quanto às taxas de ativação e desenvolvimento folicular, foi observada redução significativa nos níveis de folículos primordiais em todos os tratamentos. Entretanto, nos tratamentos com a presença de AV a taxa de folículos em desenvolvimento foi maior do que no grupo vitrificado sem AV. Com isso, conclui-se que a presença da AV na solução de vitrificação melhorou a qualidade geral dos folículos e do tecido, promovendo a ativação e o desenvolvimento folicular após o cultivo *in vitro* do tecido vitrificado.

Palavras-chave: Criopreservação; Cultivo *in vitro*; Folículos pré-antrais

Agradecimentos: À Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico.



AVALIAÇÃO DO EFEITO DA *ALOE VERA* NA MANUTENÇÃO DA MATRIZ EXTRACELULAR APÓS CULTIVO *IN VITRO* DE TECIDO OVARIANO VITRIFICADO EM BOVINO

Francisco das Chagas Costa^{1*}; Erlândia Márcia Vasconcelos¹; Venância Antônia Nunes Azevedo¹; Mônica Dias Soares¹; Lais Raiane Feitosa¹; Anderson Weiny Barbalho¹; José Roberto Viana Silva¹; Ana Liza Paz Souza¹

¹UFC – Universidade Federal do Ceará, Laboratório de Biotecnologia e Fisiologia da Reprodução (LABIREP), Sobral, CE, Brasil. *biofrankcosta@hotmail.com

A superprodução de espécies reativas de oxigênio durante protocolos de vitrificação de tecido ovariano pode desregular severamente a homeostase da matriz extracelular (MEC) e comprometer a manutenção das fibras colágenas. Estas alterações podem ter efeitos deletérios sobre a capacidade de retomada do desenvolvimento dos gametas após a vitrificação. Por isso, a suplementação da solução de vitrificação (SV) com substâncias antioxidantes têm sido proposta. Com esta finalidade, o extrato de *Aloe vera* (AV) apresenta-se como uma excelente alternativa, já que possui em seu conteúdo mais de 75 compostos potencialmente ativos diferentes, fazendo com que a planta apresente importantes propriedades farmacológicas, dentre elas a atividade antioxidante. O objetivo desse estudo foi adicionar 10 ou 50% de extrato de AV na solução de vitrificação avaliar os seus efeitos na manutenção da matriz extracelular após cultivo *in vitro* de tecido ovariano bovino submetido à vitrificação prévia. Para isso, fragmentos ovarianos bovinos foram colocados em poços contendo 2 ml de SV composta por α -MEM suplementado com 10% de soro fetal bovino, 0,25 mol/L de sacarose, 3M de dimetilsulfóxido e 0, 10 ou 50% de extrato de AV. Após 5 minutos de exposição à SV, os fragmentos foram vitrificados em superfície sólida e armazenados por 2 semanas. Após isso, os fragmentos foram reaquecidos e cultivados *in vitro* por 6 dias em α -MEM suplementado com BSA, glutamina, hipoxantina, penicilina e ITS. Após o cultivo, os fragmentos foram processados histologicamente e a densidade das fibras colágenas da MEC foi avaliada por meio da coloração com Picrosirius Red (Abcam). Para análise estatística, os dados foram avaliados pelo teste de Kruskal-Wallis, seguido pela comparação de Dunn ($P < 0,05$). Ao final do período de cultivo, fragmentos vitrificados em SV contendo 10% de AV preservaram percentuais de colágeno semelhantes ao controle fresco. Entretanto, a concentração de 50% de AV não apresentou diferença significativa quando comparada ao grupo sem AV. Dessa forma, conclui-se que a presença de 10% do extrato de AV na solução de vitrificação preserva níveis adequados de fibras colágenas na matriz extracelular de tecido ovariano bovino cultivado *in vitro* após vitrificação.

Palavras-chave: Criobiologia; Fertilidade; Folículos ovarianos

Agradecimentos: À Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico.



RESPOSTA SUPEROVULATÓRIA E PRODUÇÃO EMBRIONÁRIA DE OVELHAS DA RAÇA BERGAMÁCIA BRASILEIRA

Ana Paula de Melo Lisboa Kolling¹; Gabriela Cordeiro Brilhante²; Lucas Macedo Santos³; Jessica Drechmer³; Bianca Damiani Marques Silva⁴; Alexandre Floriani Ramos⁴

¹Universidade de Brasília. ²Centro Universitário do Planalto Central Aparecido dos Santos ³Bolsista CNPq. ⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *alexandre.floriani@embrapa.br

Dentre as raças ovinas localmente adaptadas está a lanada Bergamácia Brasileira. Com a redução de seu efetivo populacional e pela contribuição na formação da raça Santa Inês, principal raça criada no Brasil, torna-se necessária sua conservação através da coleta e criopreservação de sêmen e de embriões para serem estocados em bancos de germoplasma. A evolução de metodologias para a pré-seleção de ovelhas doadoras de embriões, principalmente as localmente adaptadas, ameaçadas de extinção, com capacidade elevada para responder a protocolos de superovulação é de suma importância para diminuir os custos com protocolos hormonais e evitar procedimentos de coleta desnecessários em ovelhas com baixo potencial de resposta a superovulação. O objetivo deste trabalho foi quantificar a resposta superovulatória e produção embrionária de ovelhas Bergamácia Brasileira e relacioná-las com a condição folicular antes do tratamento superovulatório, como referência para seleção de doadoras com potencial para superovulação. Vinte e três ovelhas foram avaliadas quanto a população folicular por ultrassonografia na fase de metaestro do ciclo estral e divididas em grupos com baixa, média e alta população folicular. Posteriormente foram sincronizadas, superovuladas com 133mg de pFSH, acasaladas e submetidas a coleta de embriões. A resposta superovulatória ($9,0 \pm 3,3$ vs $10,7 \pm 6,2$ vs $13,8 \pm 7,1$) e produção embrionária ($4,0 \pm 3,8$ vs $2,6 \pm 2,0$ vs $1,8 \pm 4,0$) foram semelhantes entre os grupos ($P > 0,05$). Houve correlação positiva entre o número de folículos no metaestro e o número de corpos lúteos com regressão prematura (RPCL) (0,52) e correlação negativa entre a taxa de recuperação e RPCL (-0,44) ($P < 0,05$). As ovelhas que apresentaram RPCL tiveram mais folículos no metaestro ($16,9 \pm 7,8$ vs $12,7 \pm 3,2$) e menor taxa de recuperação embrionária ($38,8 \pm 29,3$ vs $72,2 \pm 29,9$) do que as que apresentaram CLs funcionais ($P < 0,05$). A quantificação folicular nas fases de metaestro não foi capaz de identificar doadoras com alto potencial de produção embrionária. Animais com RPCL tiveram maior população folicular no metaestro e menor recuperação de embriões.

Palavras-chave: conservação; embrião; superovulação; recursos genéticos; reprodução.

Agradecimentos: Ao CNPq pelas bolsas de estudos.



ADAPTAÇÃO DE PROTOCOLO DE IATF COM NOVE DIAS PARA BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO

Gabriela Cordeiro Brilhante¹; Lucas Macedo Santos¹; Caroline Lavocat Nunes Pollini²; Alexandre Floriani Ramos³

¹ Graduado (a) em Medicina Veterinária do Centro Universitário do Planalto Central Aparecido dos Santos, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

² Docente do Curso de Medicina Veterinária, do Centro Universitário do Planalto Central Aparecido dos Santos – Uniceplac;

³ Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil;

Email do autor apresentador: gcbilhante97@gmail.com¹

O Curraleiro Pé-Duro é uma raça bovina adaptada ao clima tropical brasileiro, criada principalmente nos estados do Piauí, Tocantins e Goiás e que possui grande potencial para se adaptar a pecuária moderna por apresentar características de tolerância ao calor e resistência a endo e ecto parasitas, além de atribuir eficiência alimentar e reprodutiva e qualidade de carcaça e de carne a seus cruzamentos com raças comerciais. O objetivo do presente estudo foi avaliar a resposta folicular e luteal aos protocolos de inseminação artificial em tempo fixo (IATF) a base de progesterona (P4), gonadotrofina coriônica equina (eCG) e benzoato (BE) ou cipionato (ECP) de estradiol em vacas Curraleiro Pé-duro. O Experimento foi realizado no Campo Experimental Sucupira, Brasília-DF, Brasil. Foram utilizadas 12 fêmeas Curraleiro Pé-Duro cíclicas (último parto há seis meses), entre dois e oito anos e com condição corporal (CC) média 3 divididas em dois grupos de tratamento em um delineamento experimental em modelo *crossover*. Os animais receberam um dispositivo intravaginal contendo 1g de P4 por nove dias e 2mg de BE intramuscular (IM) no momento da inserção do dispositivo (dia 0). No dia da remoção do dispositivo (dia 9), as fêmeas receberam 150µg de D-cloprostenol sódico e 300UI de eCG intramuscular, sendo, então, divididas aleatoriamente para receber 1mg de BE ou 1mg de ECP. Não houve diferença estatística entre os protocolos testados ($P>0,05$) em relação a tempo de ovulação, tamanho folicular e do corpo lúteo. O tempo médio de ovulação em horas do grupo que possuía o benzoato de estradiol como indutor da ovulação foi de $61,33 \pm 12,45$ e o do cipionato de estradiol foi de $64,67 \pm 11,03$. Os dois protocolos foram capazes de sincronizar as matrizes no tempo estimado e apresentar uma densidade de ovulação similar, a taxa de sincronização de ambos foi de 92,3%. São necessários estudos mais aprofundados para analisar e validar os protocolos a campo, avaliando a taxa de sincronização e efetividade refletida na taxa de gestação.

Palavras-chave: Sincronização. Bovinos. Recursos genéticos.



EFEITO DA *CIMICIFUGA RACEMOSA* L. E DOXORRUBICINA SOB A ATIVAÇÃO DE FOLÍCULOS PRÉ-ANTRAIS DE CAMUNDONGAS CULTIVADOS *IN VITRO*

Venância Antonia Nunes Azevedo¹; Ernando Igo Teixeira De Assis¹; Francisco das Chagas Costa¹; Alana Nogueira Godinho²; Jordânia Marques Oliveira Freire²; Ana Liza Paz Souza ^{1,2}; José Roberto Viana Silva^{1,2}; Anderson Weiny Barbalho Silva^{1,2}

¹LABIREP - Laboratório de Fisiologia e Biotecnologia Reprodutiva (Sobral, Ceará, Brasil). ²NUPEX - Núcleo de Pesquisa em Experimentação Animal (Sobral, Ceará, Brasil). *venanciaazevedo@outlook.com

Apesar da grande quantidade de informações produzidas nas últimas décadas, o entendimento completo acerca dos mecanismos que controlam o desenvolvimento folicular ainda não está totalmente elucidado. Muitas drogas usadas para tratar o câncer, como a doxorubicina (DOXO), podem comprometer a integridade dos folículos ovarianos e impedir a formação de oócitos competentes. Desse modo, a investigação de substâncias que possam bloquear ou atenuar os efeitos provocados pela DOXO podem contribuir para o esclarecimento dos mecanismos relacionados à citotoxicidade e para o aperfeiçoamento de sistemas de cultivo de folículos ovarianos. Nesse contexto, considerando a *Cimicifuga racemosa* (CR) como um fármaco alternativo e natural utilizado no tratamento da menopausa, bem como a importância do estudo de redirecionamento de fármacos, este trabalho objetivou investigar a ação da CR e DOXO sobre a ativação e crescimento de folículos pré-antrais de camundongas cultivados *in vitro*. Para isso, o trabalho foi submetido ao Comitê de Ética e aprovado sob o protocolo N° 05/18. Feito isso, foram coletados ovários de camundongas Swiss (n=46), com ciclo estral regular, e cultivado individualmente em placa de 24 poços a 37,5°C, em 5% CO₂ por 6 dias em meio base (grupo controle: DMEM⁺) ou DMEM⁺ suplementado com diferentes concentrações do extrato de CR (5, 50 e 500ng/ml) e DOXO (0,3µg/mL). Ao final do período de cultivo, os ovários foram submetidos ao processamento histológico e corados com hematoxilina e eosina para avaliação da ativação folicular. Para análise estatística foi utilizado o teste de Fisher e as diferenças foram consideradas significativas quando p < 0,05. A análise histológica mostrou que a presença de 5, 50 e 500ng/ml de CR manteve o percentual de ativação semelhante ao grupo controle. Por outro lado, a DOXO (0,3µg/mL) quando comparada com o grupo controle e com as concentrações de CR, apresentou um baixo percentual de folículos em desenvolvimento. De acordo com esses resultados, pode-se concluir que o extrato de CR (5, 50 e 500 ng/ml) promove a ativação dos folículos primordiais, apresentando taxas similares ao grupo controle, enquanto que a presença de DOXO no meio de cultivo reduz o percentual de ativação folicular. Esses achados sugerem que a CR possui propriedades funcionais na foliculogênese.

Palavras-chave: foliculogênese; toxicidade; fitomedicamento



EFEITO DA MELATONINA E DO LUZINDOL NA VIABILIDADE DE FOLÍCULOS PRÉ-ANTRAIS BOVINOS APÓS O CULTIVO *IN VITRO*

Efigenia Cordeiro Barbalho^{1*}; Lais Raiane Feitosa Melo Paulino¹; Francisco das Chagas Costa¹; Danisvânia Ripardo do Nascimento¹; Anderson Weiny Barbalho¹; Ana Liza Paz Souza¹; José Roberto Viana Silva¹;

¹UFC – Universidade Federal do Ceará, Laboratório de Biotecnologia e Fisiologia da Reprodução (LABIREP), Sobral, CE, Brasil. *eficordeiro@outlook.com

O estresse oxidativo durante o cultivo *in vitro* afeta negativamente o desenvolvimento folicular e a maturação de oócitos. Neste sentido a adição de antioxidantes durante o cultivo, torna-se uma alternativa bastante promissora. Dentre as substâncias com atividade antioxidante, a melatonina tem sido investigada por apresentar fortes propriedades na eliminação dos radicais livres produzidos durante o cultivo *in vitro* de folículos pré antrais. Esses efeitos da melatonina podem ser neutralizados pelo luzindol (N-acetil-2-benziltriptamina), um antagonista competitivo do receptor de melatonina. Além de atuar via receptores, a melatonina pode eliminar diretamente as espécies reativas de oxigênio. Tendo em vista o potencial antioxidante da melatonina, este estudo teve como objetivo, investigar o efeito da melatonina sozinha ou associada com o luzindol na viabilidade de folículos pré-antrais bovinos cultivados *in vitro* por 18 dias. Para isso, foram coletados 40 ovários, os quais foram submetidos a fragmentação para o isolamento mecânico dos folículos secundários (~200 µm). Os folículos foram cultivados a 38,5°C, com 5% de CO₂ no ar, por 18 dias nos seguintes tratamentos: (i) TCM-199 + sozinho (controle), (ii) TCM-199 + suplementado com 10 pM de melatonina; (iii) TCM-199 + suplementado com 10 µM de luzindol ou (iv) TCM-199 + com melatonina (10 pM) e luzindol (10 µM). Após o cultivo os folículos foram incubados em gotas de 100 µL de TCM-199 contendo 4mM calceína-AM e 2mM homodímero-1 de etídio a 37 ° C durante 15 minutos e examinados em microscópio de fluorescência. Oócitos e células da granulosa foram considerados viáveis quando o citoplasma foi corado positivamente com calceína-AM (verde) e se a cromatina não foi marcada com homodímero-1 de etídio (vermelho). A avaliação por microscopia de fluorescência mostrou que os folículos cultivados por 18 dias em TCM-199 + sozinho e TCM-199 + suplementado com melatonina, luzindol e melatonina associada ao luzindol apresentavam-se viáveis ao final do cultivo. Não houve coloração positiva para homodímero de etídio-1 nas células analisadas. Portanto, conclui-se que a melatonina e o seu antagonista (luzindol) não apresentam efeitos na viabilidade folicular após 18 dias de cultivo *in vitro*.

Palavras-chave: foliculogênese; antioxidante; toxicidade.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



DIAGNÓSTICO DE GESTAÇÃO PRECOCE EM OVINOS

Lucas Macedo Santos¹; Gabriela Cordeiro Brilhante²; Antônio Gabriel Macedo Santos²; Alexandre Floriani Ramos³; Bianca Damiani Marques Silva³

¹Bolsista CNPq; ²Centro Universitário do Planalto Central Aparecido dos Santos;

³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

*E-mail do autor apresentador: lucas099macedo@gmail.com

Em 2017 o rebanho brasileiro de ovinos foi estimado em 13,7 milhões de cabeças, entretanto algumas raças possuem um número baixo de exemplares, visando aumentar esse efetivo populacional é crescente a busca por técnicas reprodutivas como a IATF e TETF, tão quanto ferramentas para avaliar o sucesso das mesmas. A ultrassonografia com doppler colorido é uma técnica que consegue avaliar o aspecto vascular e hemodinâmico de tecidos, podendo estimar sua funcionalidade. Após sua formação, o corpo lúteo se torna uma das estruturas com maior taxa de fluxo sanguíneo do organismo, sendo essa reduzida pelo processo de luteólise. O objetivo desse trabalho foi validar a técnica de diagnostico de gestação precoce tão quanto avaliar sua acurácia aos 17 dias. Utilizando 54 ovelhas e 7 carneiros da raça Santa Inês, com idade 2-5 anos aptos a reprodução, ambos criados em pastos de *brachiaria spp.* com sal mineral e água *ad libitum*. As fêmeas foram submetidas a protocolo de sincronização de estro com dispositivo intravaginal de P4 por 7 dias, aplicação de 300 UI de eCG e 0,275 mg de PGF2 α IM na retirada do dispositivo. Foi realizada monta natural no período de 28 a 56 horas após a retirada da P4. As avaliações foram realizadas com ultrassom com doppler colorido utilizando transdutor linear para avaliar a vascularização dos CLs nos dias D13, D15, D17, D19 e D21. Os graus de irrigação do CL foram definidos em grau 1 (0-25% de vascularização), 2 (26-50%), 3 (51-75%) e 4 (76-100%). O diagnóstico de gestação para comparação dos resultados foi realizado 30 dias após a monta natural. Avaliações com irrigação média igual ou superior a 2,5 foram consideradas prenhes, e inferiores como vazias. Foi realizada análise estatística pela curva ROC com significância de 5%. Devido à existência da irrigação lútea fisiológica durante o diestro, as avaliações de D13 e D15 tiveram acurácia de 63% e 67%, respectivamente. No D17 foi observado aumento do nível de acurácia para próximo a 90%, isso devido manutenção da irrigação nos animais prenhes e redução da mesma por luteólise nas vazias, sendo esse resultado semelhante ao observado em D19 e D21. Conclui-se que a avaliação da irrigação do CL com ultrassom doppler colorido em D17 é uma ferramenta eficiente para diagnostico gestacional, com resultados de acurácia em torno de 90%.

Palavras-chave: luteólise; vascularização; Color Doppler.

Agradecimentos: a Embrapa e CNPq pelo apoio e concessão das bolsas.



CORPO LÚTEO OVINO: ANÁLISE DA REGRESSÃO LUTEAL

Lucas Macedo Santos¹; Gabriela Cordeiro Brilhante²; Jéssica Drechmer¹;
Alexandre Floriani Ramos³; Bianca Damiani Marques Silva³

¹Bolsista CNPq; ²Centro Universitário do Planalto Central Aparecido dos Santos;

³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

*E-mail do autor apresentador: lucas099macedo@gmail.com

Durante a luteogênese ocorre intensa atividade angiogênica, levando o corpo lúteo (CL) a ser um dos órgãos mais irrigados do organismo, o que está relacionado à capacidade de produção de progesterona (P4). Normalmente o CL é avaliado por ultrassonografia e/ou laparoscopia, mas nenhuma das técnicas é capaz de prever a funcionalidade do mesmo. A ultrassonografia Doppler é uma técnica na qual se consegue estimar a funcionalidade dos tecidos e órgãos por seu aspecto vascular e hemodinâmico, assim apresentando potencial a ser empregado em avaliações que visam aumentar eficiência reprodutiva em programas de conservação de recursos genéticos. Objetivou-se avaliar o fluxo sanguíneo (FS) luteal para caracterizar a fase de luteólise em ovelhas. Foram utilizadas 20 ovelhas da raça Santa Inês aptas a reprodução, com idade entre 2 a 5 anos, escore corporal médio de 2,5 e criadas em pasto de *brachiaria spp.* com sal mineral e água *ad libitum*. Protocolo de sincronização de estro constou de dispositivo intravaginal de progesterona (0,33 g) por 7 dias, gonadotrofina coriônica equina (300UI) e prostaglandina F2 α (0,275 mg) na retirada do dispositivo. O estro foi avaliado através de rufião com tintura peitoral, 28 a 56 horas após a retirada da P4. As avaliações de diâmetro e FS foram realizadas com ultrassom Color Doppler (MyLab™30 Gold VET, Esaote S.p.A., Firenze, Itália) via transretal, nos dias 13,15,17,19,21 e 23 após a observação do estro. O FS foi avaliado pelo percentual de vascularização do CL, sendo grau 1 (0 a 25%), 2 (26 a 50%), 3 (51 a 75%) e 4 (76 a 100%). Os resultados dos diâmetros e FS foram analisados pelos testes de ANOVA e Kruskal-Wallis, respectivamente ($P < 0,05$). Houve redução no diâmetro médio dos CLs entre D15 ($9,55 \pm 0,82$ mm) e D17 ($8,43 \pm 1,20$ mm), assim como no FS ($2,44 \pm 0,86$; $1,80 \pm 1,01$; D15 e 17, respectivamente). Apesar de visível, o CL não apresentava irrigação em D23 ($5,27 \pm 0,82$ mm, grau $1,00 \pm 0,00$). Os resultados sugeriram que a luteólise ocorreu entre os dias 15 e 17, quando houve redução no FS e no diâmetro do CL. Foi possível identificar o momento que ocorre a diminuição da vascularização do CL, importante para estudos com diagnóstico de gestação e regressão luteal precoce.

Palavras-chave: luteólise; vascularização; Color Doppler.

Agradecimentos: a Embrapa e CNPq pelo apoio e concessão das bolsas.



INFLUÊNCIA DA MELATONINA E DO LUZINDOLE NA FORMAÇÃO DE CAVIDADE ANTRAL EM FOLÍCULOS PRÉ-ANTRAIS BOVINOS CULTIVADOS *IN VITRO*

Danisvânia Ripardo Nascimento¹; Laís Raiane Feitosa Melo Paulino¹; Efigenia Cordeiro Barbalho¹; Anderson Weiny Barbalho Silva¹; Ana Liza Paz Souza Batista¹; Jose Roberto Viana Silva¹

¹Universidade Federal do Ceará (UFC-Sobral) *danisvânia.ripardo@hotmail.com:

A adição de substâncias antioxidantes aos meios de cultivos *in vitro* para folículos secundários bovinos é importante para impedir o estresse oxidativo, danos nas estruturas celulares e apoptose das células foliculares e oócito. A melatonina é um hormônio que exerce papel antioxidante que atua diretamente contra as espécies reativas de oxigênio. Por outro lado, o luzindole atua como um antagonista da melatonina, se ligando aos seus receptores. No entanto, pouco se sabe sobre o papel da melatonina e de seu antagonista durante o desenvolvimento de folículos pré-antrais bovinos cultivados *in vitro*, especialmente na formação da cavidade antral. Com isso, o objetivo deste trabalho foi avaliar a influência da melatonina (10 ng / mL) e luzindole (10 ng / mL), sozinhos ou em associação, sob a formação da cavidade antral de folículos pré-antrais bovinos cultivados *in vitro* por 18 dias. Assim, foram coletados 45 ovários de vacas obtidas no matadouro local. Os ovários foram fragmentados e os folículos secundários foram isolados mecanicamente e cultivados *in vitro* nos seguintes tratamentos: TCM-199 sozinho (controle); TCM-199 + melatonina (10 ng / mL); TCM-199 + luzindole (10 ng / mL) ou TCM-199+melatonina (10 ng / mL) + luzindole (10 ng / mL). Em sistema bidimensional, os folículos foram cultivados à 5% de CO₂ a 38,5 ° C por 18 dias. Nos dias 0, 6, 12 e 18, foi analisada a formação de antro nos folículos cultivados *in vitro*. Os dados da formação de antro após cultivo *in vitro* em cada tratamento foram comparados pelo teste qui-quadrado e os resultados foram expressos em percentagem. Ao final do cultivo, observou-se a presença de antro nos folículos cultivados e em todos os tratamentos, incluindo o controle. O bloqueador, luzindole, não influenciou a melatonina no desenvolvimento da cavidade antral (melatonina + luzindole), porém ele sozinho reduziu a taxa de formação de antro. O tratamento contendo apenas melatonina obteve uma maior percentagem de formação de antro comparado ao grupo contendo apenas luzindole. Conclui-se que a melatonina aumenta o percentual da formação de cavidade antral após cultivo *in vitro* de folículos secundários bovinos por 18 dias. O luzindole não influencia a formação de antro e interfere negativamente na ação da melatonina em promover a formação de antro.

Palavras-chave: Melatonina; foliculogênese; bovinos.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



EFEITO DA *CIMICIFUGA RACEMOSA* L., DEXAMETASONA E DOXORRUBICINA SOB A MATRIZ EXTRACELULAR DO TECIDO OVARIANO DE CAMUNDONGAS CULTIVADOS *IN VITRO*

Ernando Igo Teixeira De Assis²; Venância Antonia Nunes Azevedo¹; Pedro Alves Aguiar Barroso¹; Alana Nogueira Godinho²; Jordânia Marques Oliveira Freire²; Ana Liza Paz Souza¹; José Roberto Viana Silva¹; Anderson Weiny Barbalho Silva²

¹LABIREP- Laboratório de Fisiologia e Biotecnologia Reprodutiva (Sobral-CE, Brasil).

²NUPEX- Núcleo de Pesquisa em Experimentação Animal (Sobral-CE, Brasil).

*ernandoigor@gmail.com

O crescimento ou a morte folicular são regulados por diversos fatores intra e extraovarianos, tais como fatores de crescimento, glicocorticoides, como a dexametasona (DEX). Muitas drogas usadas para tratar o câncer, como a doxorubicina (DOX), podem comprometer a integridade dos folículos ovarianos, impedindo, assim, a formação de oócitos competentes e consequentemente, prejudicando o desenvolvimento embrionário. Assim, a investigação acerca de substâncias que possam bloquear ou amenizar os efeitos adversos causados por quimioterápicos, como a DOX, e glicocorticoides, como a DEX, podem contribuir para o esclarecimento de mecanismos de ação relacionados à citotoxicidade e para o aperfeiçoamento de sistemas de cultivo de folículos ovarianos. Nesse contexto, considerando a *Cimicifuga racemosa* (CR) como um fármaco alternativo e de fonte natural, este trabalho objetivou investigar a ação da CR, DEX e DOX sobre a matriz extracelular do tecido ovariano de camundongas cultivados *in vitro*. O trabalho foi submetido ao comitê de ética e aprovado sob o protocolo N° 05/18. Foram coletados ovários de camundongas Swiss (n=46), com ciclo estral regular, e cultivado em placa de 24 poços a 37,5°C, em 5% CO₂ por 6 dias em meio base (grupo controle: DMEM⁺) ou DMEM⁺ suplementado com diferentes concentrações do extrato de CR (5, 50 e 500 ng/ml), DOX (0,3 µg/mL) ou DEX (4, 40 e 400 ng/mL). Ao final do período de cultivo, os ovários foram submetidos à análise histológica por coloração com o kit de picro-sirius red para avaliação dos níveis de colágeno no tecido ovarino. Para análise estatística foi utilizado o teste de Kruskal-Wallis e foi considerado significativas quando $p < 0,05$. Por meio da avaliação da matriz extracelular após o cultivo de 6 dias, foi possível observar que os tratamentos contendo DEX (40, 400 ng/mL) e CR (5, 500 ng/mL) apresentaram uma porcentagem maior de fibras de colágeno semelhantes ao controle cultivado. Por outro lado, os ovários cultivados na presença de DEX (4 ng/mL), DOX (0.3 µg/mL), e CR (50 ng/mL) reduziram significativamente o percentual de fibras colágenas quando comparados ao grupo controle. Dado o exposto, pode-se concluir que a presença de CR (5, 500 ng/mL) ou DEX (40, 400 ng/mL) é capaz de aumentar o percentual de fibras colágenas em ovários, garantindo assim a manutenção do tecido ovariano de camundongas após cultivo *in vitro*.

Palavras-chave: quimioterápico; toxicidade; fertilidade.



CONTRIBUIÇÃO DE RETROTRANSPOSONS SINEs EM TRANSCRITOS DE lncRNAs PRESENTES NO TECIDO ADIPOSO DE SUÍNOS

Larissa Fernanda Quintino^{1*}; Kevyn Zapelão¹; Henrique Moura Dias²

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná. ²Universidade de São Paulo. *E-mail do autor apresentador: larif.q@live.com.

Estudos recentes realizados em suínos (*Sus scrofa*) têm revelado a participação de sequências longas não codificantes (lncRNAs) em importantes papéis biológicos de organismos, tal como no desenvolvimento do tecido adiposo em suínos. Esses transcritos são caracterizados por possuírem mais de 200 nucleotídeos e podem atuar como reguladores de processos biológicos através de regulações transcricionais e pós transcricionais, bem como alterações epigenéticas. A origem dessas moléculas pode variar, no entanto, importantes estudos têm demonstrado a participação de Elementos de Transposição (TEs) como fonte dessas classes de RNA reguladores e promoção da diversidade genética. Dado aos poucos estudos acerca da origem e papel biológico dessas moléculas com potencial regulatório, o presente trabalho teve como objetivo compreender o *background* genômico de duas raças de suínos (Alentajano e Bisaro) na produção de lncRNA em tecidos adiposos através de análises *in silico* de RNAseq. As análises foram feitas a partir das bibliotecas de RNAseq do tecido adiposo de duas raças distintas de suínos (Alentajano e Bisaro), depositadas no NCBI - *National Center for Biotechnology Information* (GSE145956) englobando oito réplicas biológicas. O pipeline de análise seguiu o seguinte workflow na plataforma web (Galaxy Austrália e Europa), com parâmetros de análise padrão: 1) controle de qualidade de sequências com FastQC; 2) remoção de adaptadores com Trim Galore; 3) mapeamento dos reads no genoma de referência *Sus scrofa* 11.1 depositado no *Ensembl* (GCA_000003025.6) com HISAT2; 4) montagem e quantificação de transcritos com a ferramenta htseq-count; 5) análise da expressão diferencial com edgeR (com *cutoff* baseado no FDR<0.05) e; 6) Identificação de lncRNA diferencialmente expressos derivados de TEs com SINEBase. Neste estudo, foram encontrados pelo menos 288 lncRNAs diferencialmente expressos entre as duas raças de suínos, sendo eles 185 lncRNAs mais expressos e 103 menos expressos na comparação Alentajano com Bisaro. Deste total, pelo menos 48 sequências são derivadas de TEs da classe SINE com identidade > 65%. Nossas análises sugerem que a maioria dos transcritos selecionados como diferencialmente mais ou menos expressos (negativamente e positivamente), apresentam expressão característica da raça, ou seja, pode ter uma contribuição significativa da particularidade do genoma de cada uma, com exceção de lncRNA que possuem expressão significativa para ambas as raças de suínos analisadas.

Palavras-chave: Zootecnia; Transcriptoma; RNAs regulatórios.

Agradecimentos: à iniciativa Galaxy (Austrália e Europa) pela plataforma de análise, às instituições NCBI, SINEBase e ENSEMBL pelos dados públicos.



Recursos Genéticos Animais

5- Bioprospecção e Agregação de valor



VALOR PARA O PÚBLICO ALVO, DA CARNE DE PORCOS MOURA EM SISTEMA TRADICIONAL DE PRODUÇÃO AO AR LIVRE

Marson B Warpechowski^{1*}; Juliana S Brum¹; Fernanda C Krug¹; Giulia Botan¹; Juliane Burda¹; Renan G da Luz¹; Cátia C P Barata²; Charles Ortiz Novinski¹

¹Universidade Federal do Paraná. ²Universidade de Caxias do Sul. *marson@ufpr.br

Além da conservação e pesquisa, e da extensão aos criadores, o Projeto Porco Moura da UFPR também envolve divulgação e interação com consumidores, chefes de cozinha, charcuteiros, jornalistas e demais atores da alta gastronomia. Um dos apoios importantes do projeto é realizado por chefes de cozinha ligados ao movimento Slow Food, especialmente um grupo autodenominado “Porcadeiros”, que têm realizado periodicamente eventos gastronômicos com o uso do porco Moura, oportunizando aos consumidores conhecerem o produto, aproveitarem da alta culinária e experimentarem a imersão em aspectos culturais dos sistemas tradicionais envolvidos. Aproveitando algumas dessas oportunidades, questionários estruturados com perguntas objetivas foram aplicados a 121 voluntários adultos de ambos os sexos, 80% provenientes de cidades em raio de até 150 km do local do evento, participantes de 6 eventos gastronômicos cujo prato principal era a base de porco Moura, realizados entre 2017 e 2018, sendo três na cidade de Palmeira-PR, dois em Curitiba-PR e um em Garibaldi-RS. Dos que responderam, 54% não conheciam a raça Moura, 47% não conheciam o sistema tradicional de produção de suínos da Região Sul, e 63% desconheciam o Projeto Porco Moura e o apoio ao projeto por parte dos organizadores dos eventos. Depois de explicados resumidamente a origem e características da raça, como é o sistema de criação tradicional, e os objetivos do projeto, numa escala de aprovação de zero (não) a três (muito), a grande maioria atribuiu nota máxima para a carne (97%), para a refeição (95%) e para o projeto (99%). Na mesma escala, a grande maioria considerou muito importante conservação da raça Moura (85%), o sistema de criação tradicional ao ar livre (92%), a alimentação dos animais de base ecológica e com alimentos tradicionais locais (83%), a manutenção de sistema com alto bem estar animal (95%), o fomento à tradição e cultura regionais (84%) e a valorização do pequeno produtor (95%). Ainda, 94% dos entrevistados se declararam inclinados a pagar mais por esse tipo de produto, dos quais 14% pagariam até 10% a mais, 30% pagaria até 20% a mais e 50% pagaria até 30% a mais. Os resultados indicam interesse por aspectos de qualidade, ética e cultura, e evidenciam a existência no Brasil de um nicho de mercado pouco explorado e que pode ser útil para conservação da biodiversidade, das raças crioulas e dos sistemas tradicionais de pequena escala, que podem ser alternativa de renda e sustentabilidade para pequenos produtores.

Palavras-chave: mercado, opinião, regionalismo

Agradecimentos: Movimento Porcadeiros, Convívios Slow Food e demais apoiadores do Projeto Porco Moura.



Recursos Genéticos Animais

6- Programas de Conservação e Melhoramento



ÍNDICES DE SELEÇÃO BIOECONÔMICOS PARA SISTEMAS DE PRODUÇÃO DE BOVINOS NELORE NO CERRADO BRASILEIRO

Juliana V. Portes^{*1}, Gilberto R.O. Menezes², Michael D. Macneil³, Luiz O.C. da Silva², Andrea Gondo², José Braccini Neto¹

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre/RS, Brazil; ²EMBRAPA Gado de Corte, Campo Grande/MS, Brazil; ³Delta G, Miles City/MT, USA. *E-mail do autor apresentador: juh@zootecnista.com.br

O Cerrado possui o maior rebanho bovino efetivo entre os biomas brasileiros e, por isso, a busca por tecnologias que ajudem a aumentar a produtividade tem crescido por parte dos pecuaristas. Os índices de seleção bioeconômicos são relevantes neste caso, permitindo a seleção e o progresso genético de diferentes características simultaneamente, pois são calculados pela ponderação das características pelo seu valor econômico no sistema de produção. O objetivo deste estudo foi desenvolver índices de seleção para bovinos Nelore criados em dois sistemas de produção de ciclo completo no Cerrado brasileiro, onde touros são acasalados com novilhas e vacas adultas. Parte dos animais produzidos são retidos como novilhas de reposição e o restante é vendido aos 2 anos de idade. No Sistema 1 (S1), os animais foram criados e terminados a pasto, enquanto no Sistema 2 (S2) os animais foram criados a pasto e os machos terminados em confinamento. Os valores econômicos foram determinados para 10.000 vacas por meio de simulação estocástica, aproximando as derivadas parciais da função lucro, mudando uma característica por vez, em 1 unidade, enquanto as outras características permaneceram constantes. Os valores econômicos relativos foram calculados para peso da vaca adulta (PV), peso à desmama (PD), efeito materno do peso à desmama (PDM), ganho médio diário pós-desmama (GMD), espessura de gordura (EGS), stayability (STAY) e área de olho de lombo (AOL). Os valores econômicos foram, respectivamente, US\$0,67 (PV), US\$0,41 (PD), US\$-0,15 (PDM), US\$0,09 (GMD), US\$-0,17 (EGS), US\$187,6 (STAY) e US\$2,7 (AOL) para S1, e US\$ 0,47 (PV), US\$0,45 (PD), US\$0 (PDM), US\$0,28 (GMD), US\$-0,59 (EGS), US\$157,5 (STAY) e US\$0,73 (AOL) para S2. Os critérios de seleção utilizados para formação dos índices foram: peso à desmama, ganho médio diário pós-desmama, peso ao sobreano, circunferência escrotal ao sobreano, área de olho de lombo, idade ao primeiro parto e peso da vaca. Os coeficientes de regressão foram -5,27, 0,28, 5,32, 39,26, -1,12, 0,73 e -0,23 para S1 e -4,32, -0,03, 4,46, 32,95, -2,49, 0,62 e -0,28 para S2, respectivamente, para os critérios usados. A acurácia dos índices foi de 0,85 (S1) e 0,86 (S2). Consequentemente, o aumento da lucratividade pode ser obtido melhorando a capacidade das vacas em permanecer no rebanho, peso da vaca, área do olho de lombo, peso à desmama e ganho pós-desmama. A STAY é a característica mais importante em sistemas de produção de ciclo completo no Cerrado. Os índices propostos podem ser aplicados por produtores que utilizam sistemas de produção semelhantes ao do presente estudo, a fim de aumentar a lucratividade de sua operação.

Palavras-chave: gado de corte, ganho genético, objetivos de seleção.

Agradecimentos: Este trabalho foi apoiado pela Embrapa (SEG: 02.13.14.005.00.00). Os autores agradecem à CAPES e ao CNPq pela concessão de bolsas aos autores.



ANÁLISE PROTEÔMICA DETECTA PROTEÍNAS HUBs EM BOVINOS NELORE DIVERGENTES PARA ÁREA DE OLHO DE LOMBO

Gabriela Bonfá Frezarim^{1*}; Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹; Bruna Maria Salatta¹; Lucia Galvão de Albuquerque^{1,2*}

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

² Conselho nacional de desenvolvimento científico e tecnológico - CNPq

*gabibonfa@hotmail.com

Após o avanço obtido pelo sequenciamento do genoma de diferentes animais, constatou-se que, para compreender a função dos genes em sua totalidade, era necessário o estudo em larga escala das proteínas expressas. A análise proteômica vem complementar o estudo sobre os mecanismos biológicos atuantes na célula, na medida em que permite melhorar o entendimento dos processos fisiológicos e sua relação com o fenótipo. Sendo assim, foram selecionadas amostras de 24 bovinos Nelores divergentes para Área de olho de lombo (AOL) (12 animais com alto AOL $91,51 \pm 3,91$ cm e 12 animais com baixo AOL $55,68 \pm 1,41$ cm) para serem submetidos à análise de espectrometria de massa acoplada a cromatografia líquida (LC-MS / MS). Foi utilizado o aplicativo STRING do Cytoscape para gerar redes de interação proteína-proteína, objetivando identificar as proteínas Hubs que desempenham papel fundamental na biologia da característica estudada. Para a identificação das proteínas Hubs foi utilizado o app Cytohubba e o parâmetro de centralidade “degree”. As proteínas Hubs identificadas HSPD1 e EEF1D foram reguladas positivamente para maiores AOL, enquanto a PRDX3 regulada negativamente. A HSPD1 é uma proteína pertencente à família de proteínas de choque térmico, cuja função está em auxiliar a síntese e dobramento de proteínas musculares além de proteger a célula de agentes estressores que poderiam levar a degradação celular. Dessa forma, a regulação positiva dessa proteína no grupo com maiores AOL parece indicar que a mesma exerce papel fundamental no crescimento muscular. A proteína EEF1D por sua vez, atua como proteína de alongação, auxiliando o processo de biossíntese proteica nos ribossomos, agindo de forma fundamental na síntese de novas proteínas e consequente crescimento muscular. A proteína PRDX3 localizada na mitocôndria possui função antioxidante. A oxidação pode danificar as células dos organismos, incluindo células musculares. Dessa forma, a regulação negativa dessa proteína em menores AOL pode levar à maior oxidação e consequente diminuição do crescimento muscular. A identificação de biomarcadores que exercem função chave no desenvolvimento muscular, podem resultar na identificação de animais geneticamente superiores para AOL e consequentemente, em maior rendimento de cortes, produzindo animais de maneira mais eficiente e sustentável.

Palavras-chave: Bovinocultura de corte; LC-MS / MS; rendimento de carcaça.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES – código de financiamento 001) e à FAPESP (processos: 2017/10630-2, 2018/20026-8 e 2016/23937-6)



IDENTIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS HUBs ASSOCIADAS AO CONTEÚDO DE LIPÍDIOS EM BOVINOS NELORE

Gabriela Bonfá Frezarim^{1*}; Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹; Bruna Maria Salatta¹; Lucia Galvão de Albuquerque^{1,2*}

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – FCAV/UNESP. Jaboticabal, SP, Brasil

² Conselho nacional de desenvolvimento científico e tecnológico - CNPq

*gabibonfa@hotmail.com

A abordagem proteômica no melhoramento animal possibilita traduzir as informações do genoma em uma visão biológica funcional, o que pode guiar os pesquisadores na busca por melhores soluções para os desafios na produção de carne com melhor qualidade. A espectrometria de massa por cromatografia líquida (LC-MS / MS) foi utilizada para identificar proteínas diferencialmente expressas em tecido muscular de bovinos Nelore. A análise incluiu 24 amostras significativamente divergentes (teste $t < 0,05$) para conteúdo de lipídeos (12 animais com alto teor de lipídeo $1,35 \pm 0,11\%$ e 12 animais com baixo teor de lipídeo $0,44 \pm 0,03\%$). Foi utilizado o aplicativo STRING do Cytoscape para gerar redes de interação proteína-proteína. A unidade de interação básica no STRING é a associação funcional, isto é, um elo entre duas proteínas que contribuem em conjunto para uma função biológica específica. Para identificar proteínas essenciais (Hub), dentro da rede de interação, foi utilizado o app Cytohubba e “degree” como parâmetro de centralidade. Dessa forma, foi possível selecionar 3 proteínas Hubs: UQCRC1, UQCRC2 e NDUFS1, todas reguladas positivamente para alto teor de lipídeo. Essas proteínas são complexos atuantes na cadeia de transporte de elétrons mitocondriais que promovem a oxidação de ácidos graxos. A gordura intramuscular da carne bovina é o componente que apresenta maior variação em termos de quantidade, estando diretamente associada ao balanço entre energia da dieta e requerimentos metabólicos. Essas moléculas orgânicas são compostas pela união de três ácidos graxos e um glicerol, formando uma estrutura conhecida como triglicerídeo. Sua deposição ocorre principalmente pela incorporação dos ácidos graxos pré-formados transportados pelas lipoproteínas do plasma e por meio da síntese de ácidos graxos, ocorrentes na mitocôndria. A gordura intramuscular é altamente influenciada por fatores genéticos e, portanto, a opção por animais com potencial genético para maior deposição de gordura intramuscular, associada ao uso da nutrição podem trazer resultados satisfatórios em termos de sabor, suculência e valor nutricional para a carne bovina.

Palavras-chave: LC-MS/MS; marmoreio; qualidade de carne.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES – código de financiamento 001) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP - processos: 2017/10630-2, 2018/20026-8 e 2016/23937-6)



PARÂMETROS GENÉTICOS DE PESOS E CORRELAÇÕES COM ESCORES DE TAMANHO E UMBIGO NA RAÇA ANGUS

Isabella Almeida Ferreira^{1*}; Daniel Duarte da Silveira²; Fabio Ricardo Pablos de Souza²; Vanerlei Mozaquatro Roso³; Arione Augusti Boligon^{2,4}

¹Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho". ²Universidade Federal de Pelotas. ³Gensys Consultores Associados. ⁴Pesquisadora do CNPq.
*isabellalmeidaferreira@hotmail.com

Foram utilizados dados fenotípicos e de pedigree de animais da raça Angus que integram o Programa Natura, como o objetivo de serem estimados os parâmetros genéticos de pesos ao nascer (PN, 18.536 observações), desmama (PD, 16.695 observações) e sobreano (PS, 9.027 observações) e suas associações genéticas com escores visuais de tamanho corporal na desmama (TD, 6.333 observações) e ao sobreano (TS, 2.842 observações) e umbigo na desmama (UD, 4.010 observações) e ao sobreano (US, 2.313 observações). Os escores visuais foram atribuídos com notas de 1 a 5, com os valores mais altos indicando a presença mais marcante da característica. Para o PN, os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por fazenda, ano e mês de nascimento e sexo. Para as características na desmama (PD, TD e UD), o grupo de manejo na desmama foi incluído na formação dos GC e, para as medidas obtidas ao sobreano (PS, TS e US) também foi adicionado o grupo de manejo ao sobreano. Como covariáveis foram considerados os efeitos linear e quadrático da idade do animal na mensuração (exceto para o PN) e da idade da vaca ao parto. Foram realizadas análises bi-características, utilizando inferência Bayesiana e um modelo animal linear para os pesos e threshold para os escores. Como efeitos sistemáticos foram considerados o GC e covariáveis e, como aleatórios, os efeitos genético aditivo direto e residual, além dos efeitos genético materno e de ambiente permanente materno para as características obtidas até a desmama. Os pesos apresentaram herdabilidades diretas de $0,12 \pm 0,01$ (PN), $0,22 \pm 0,02$ (PD) e $0,25 \pm 0,02$ (PS). Herdabilidades maternas nulas foram estimadas para o PN ($0,02 \pm 0,01$) e PD ($0,03 \pm 0,01$). Esses resultados indicam que os PD e PS são influenciados por efeitos aditivos dos genes e, consequentemente, devem responder a seleção. Por outro lado, a seleção de reprodutores com melhores valores genéticos maternos para PN e PD não deve resultar em ganhos para a habilidade materna. Associações genéticas com valores positivos foram estimadas entre os pesos e escore de tamanho (PN x TD: $0,39 \pm 0,01$; PN x TS: $0,44 \pm 0,06$; PD x TD: $0,96 \pm 0,02$; PD x TS: $0,90 \pm 0,05$; PS x TD: $0,85 \pm 0,05$; PS x TS: $0,97 \pm 0,02$), indicando que a seleção de reprodutores com melhor potencial genético para produzir progênie mais pesada, principalmente na desmama e ao sobreano, deve levar a um aumento no tamanho corporal dos animais. Os PN e PD apresentaram baixos valores de correlações genéticas com o UD ($0,04 \pm 0,03$ e $0,16 \pm 0,06$, respectivamente) e US ($0,13 \pm 0,02$ e $0,03 \pm 0,04$, respectivamente). Entre o PS e escore de umbigo, as associações genéticas foram de $0,03 \pm 0,02$ (UD) e $0,36 \pm 0,05$ (US). Portanto, a seleção de animais baseada em pesos até a desmama não deve levar a alterações no tamanho do umbigo na população estudada.

Palavras-chave: associação genética; bovinos de corte; crescimento.

Agradecimentos: Os autores agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo auxílio financeiro.



FATORES DE TRANSCRIÇÃO *BARX2* E *STAT5A* PODEM ESTAR ASSOCIADOS À REGULAÇÃO DA DEPOSIÇÃO DE GORDURA INTRAMUSCULAR

Bruna Maria Salatta¹, Larissa Fernanda Simielli Fonseca¹, Gabriela Bonfá Frezarim¹, Danielly Beraldo dos Santos Silva¹, Lucia Galvão de Albuquerque^{1,2}

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias–UNESP. *bruna_salatta@hotmail.com

²Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico-Cnpq

A deposição de gordura intramuscular em bovinos é influenciada pelo sistema de produção e pelas raças dos animais estudados, o que dificulta a comparação de resultados de trabalhos de expressão gênica. Desta forma, a validação, em uma população representativa do sistema de produção brasileiro, dos genes comumente encontrados em estudos, se faz necessário para que essas informações possam ser úteis na determinação de genes candidatos. O objetivo do estudo foi usar qRT-PCR para validar genes diferencialmente expressos, encontrados na literatura (*SREBF1*, *LPL*, *ACACA*, *BARX2*, *EGR1*, *CDS1*, *STAT5A* e *HTATIP2*), em uma população de bovinos Nelore com fenótipo extremo para gordura intramuscular, analisado por método Bligh e Dyer (1959). Através da técnica LC-MS/MS, foi verificado se os genes diferencialmente expressos seriam traduzidos em proteínas diferencialmente expressas. Para isso, foram selecionadas 24 amostras de *Longissimus dorsi* de bovinos Neloeres divergentes para lipídios totais. Os fatores de transcrição *BARX2* e *STAT5A* foram mais expressos em animais com menor deposição de gordura. O gene *BARX2* interage diretamente com os reguladores musculares positivos da miogênese, o que leva ao aumento na proporção de carne na carcaça e conseqüentemente, à diminuição da deposição de tecido adiposo. Dessa forma, a maior expressão do *BARX2* em animais com baixo lipídios pode estar relacionado à ação desse gene no aumento do desenvolvimento muscular. Apesar do gene *STAT5* exercer papel importante durante a deposição de gordura, o fator de transcrição *STAT5A*, pode inibir a expressão de genes relacionados à síntese dos ácidos graxos em adipócitos. Dessa forma, a expressão do *STAT5A* em animais com baixa deposição de lipídios sugere que este fator de transcrição pode exercer efeitos negativos sobre a expressão de alguns outros genes e conseqüentemente na deposição de lipídios intramuscular. Os resultados da LC-MS/MS revelaram que as proteínas PRDM1 e CO1A2, reguladas pelo fator de transcrição *STAT5A*, mostraram expressão diferencial significativa, ambos expressos no grupo com alto lipídios, o que indica a ação inibitória do *STAT5A* sobre a expressão dessas proteínas. Esses resultados demonstram que os genes *BARX2* e *STAT5A* têm potencial para serem utilizados em estratégias de seleção e revelam a importância dos mecanismos pós-transcricionais e pós-traducionais na regulação do metabolismo.

Palavras-chave: LC-MS/MS, Nelore, qRT-PCR.

Agradecimentos: FAPESP (processos 2016/239376-2017/10630-2-2018/20026-8) e CNPq. Apoio: CAPES - Código de Financiamento 001.



PREDIÇÃO DO IMPACTO FUNCIONAL DE VARIANTES EM REGIÕES DE VARIAÇÕES NO NÚMERO DE CÓPIAS EM RAÇAS BRASILEIRAS LOCALMENTE ADAPTADAS

Elisa Peripolli^{1*}; Nedenia Bonvino Stafuzza²; Marco Antonio Machado³; Andréa Alves do Egito⁴; Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva³; Fernando Baldi¹

¹ Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Jaboticabal. ² Centro de Pesquisa em Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho. ³ Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora. ⁴ Embrapa Gado de Corte, Campo Grande. *elisa_peripolli@hotmail.com

A caracterização de variações estruturais genéticas, particularmente em raças localmente adaptadas, é um passo importante para decifrar as estruturas moleculares subjacentes às variações fenotípicas implícitas nos mecanismos de sobrevivência e adaptação. Deste modo, este estudo objetivou avaliar o impacto de variantes em regiões de variações no número de cópias (CNVRs) por meio de dados de sequenciamento de nova-geração em três raças brasileiras localmente adaptadas. Animais da raça Caracu Caldeano (CAR, $n=12$), Crioulo Lageano (CRL, $n=12$) e Pantaneiro (PAN, $n=12$) foram ressequenciados (~15X) e suas sequências alinhadas ao genoma de referência bovino ARS-UCD1.2. As variações no número de cópias (CNVs) foram detectadas individualmente por meio do software CNVnator v0.4.1 e posteriormente agrupadas em CNVRs dentro de cada raça considerando no mínimo um par de base em sobreposição. A anotação funcional das CNVRs foi feita utilizando a ferramenta Ensembl *Variant Effect Predictor* (genes release 100). Variantes que impactam diretamente a sequência proteica (*splice acceptor variant*, *splice donor variant*, *stop gained*, *frameshift variant*, *stop lost* e *start lost*) foram consideradas para subsequente análise gênica. Diversas variantes com alto impacto biológico foram identificadas nas raças estudadas (CAR, $n=43$; CRL, $n=37$; PAN, $n=57$) e abrangeram um total de 30, 22 e 42 genes codificadores de proteínas, respectivamente. Quando inspecionados detalhadamente, esses genes apresentaram funções intimamente ligadas à resiliência ambiental de bovinos, incluindo aqueles: (i) fortemente relacionados ao complexo principal de histocompatibilidade (MHC) e a resposta imune (*BOLA-DQB* e *BOLA-DQA5*); (ii) com papel crítico na resposta imune inata para um amplo espectro de patógenos (β -defensinas); e (iii) associados a mecanismos de resistência a ectoparasitas (*CD1A* e *PRG3*). Ressalta-se que as raças bovinas estudadas apresentam níveis distintos de variabilidade fenotípica e adaptação às condições locais devido a um longo processo de seleção natural em ecossistemas brasileiros extremamente variáveis. Assim sendo, os resultados observados corroboram o histórico de desenvolvimento destas raças juntamente com as limitações ambientais que levaram estes animais a adquirirem características fenotípicas particulares para prosperarem em ambientes muitas vezes inóspitos, levando a um processo que deixou marcas de seleção em seus genomas.

Palavras-chave: Raças locais; Sequenciamento de nova-geração; Variações estruturais.

Agradecimentos: Elisa Peripolli é bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processo nº 2016/24084-7. Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva é apoiado pela Embrapa SEG 02.13.05.011.00.00, CNPq 310199/2015-8 "Detecção de assinaturas de seleção a partir de dados de sequenciamento de próxima geração", MCTI/CNPq/INCT-Ciência Animal e FAPEMIG CVZ PPM 00606/16 "Detecção de assinaturas de seleção em bovinos a partir de dados de sequenciamento de próxima geração".



VARIABILIDADE GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE CAVALOS RAÇA SILLA ARGENTINO DA POLÍCIA NACIONAL DA COLÔMBIA UTILIZANDO A INFORMAÇÃO DO PEDIGREE

Jeisson Alexander León Rubio¹; Ricardo Antonio da Silva Faria²; John Nelson Infante Gonzalez¹; Luisa Fernanda Triana Arevalo¹; Yuly A. Rincón Lozano³; Pablo Dominguez-Castaño^{1,2*}

¹Facultad de Medicina Veterinaria, Fundación Universitaria Agraria de Colombia-UNIAGRARIA, Bogotá, Colombia. ²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista-UNESP, Jaboticabal, São Paulo, Brasil. ³Escuela de Equitación Policial “Coronel Luis Augusto Tello Sánchez”, Colombia.

*pd.castano@unesp.br

Para implementar programas de melhoramento genético visando a superioridade das próximas gerações, é importante conhecer previamente a estrutura genética da população. O objetivo deste estudo foi avaliar os parâmetros populacionais e a variabilidade genética da população de cavalos Silla Argentino pertencentes à Polícia Nacional da Colômbia (PNC), a partir da informação genealógica. Foram avaliados 762 cavalos nascidos entre 1992 e 2018, representando todos os animais da PNC, denominados população de referência (PR). Os ancestrais do PR foram somados, definindo a população total (PT) com 2.182 cavalos nascidos desde 1905. As análises foram realizadas com o software ENDOG. A distribuição dos animais quanto ao sexo foi semelhante, os machos representaram 39,8% (PT) e 44,0% (PR). Observou-se que 22,7% (PR) dos animais tornaram-se reprodutores. O intervalo de geração foi $10,2 \pm 7,2$ (PT) e $7,8 \pm 3,7$ (RP) anos, indicando a possibilidade de maior ganho genético na PR. Todos os resultados acima estão na faixa de populações equinas. O coeficiente de endogamia médio foi de 0,22% (PT) e 0,18% (PR) e o coeficiente de parentesco foi de 0,37% (PT) e 0,63% (PR), indicando controle nos acasalamentos. O tamanho efetivo da população foi de 370 (PT) e 232 (PR). A probabilidade de origem dos genes indicou valores para o número efetivo de fundadores, ancestrais e genomas fundadores de 327, 163 e 302 (PT), e 164, 75 e 67 (PR), respectivamente; evidenciando redução da variabilidade genética nos animais da PNC. Acasalamentos direcionados para o controle da endogamia foram uma boa estratégia, mas o uso de um pequeno número de reprodutores com os mesmos fundadores favoreceu a perda da variabilidade genética; indicando que programas de reprodução e melhoramento genético devem ser implementados continuamente, para monitorar parâmetros de busca de variabilidade genética na população.

Palavras-chave: equinos; estrutura populacional; genealogia.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Escuela de Equitación Policial “Coronel Luis Augusto Tello Sánchez” por permitir os dados para a pesquisa.



ASSOCIAÇÃO ENTRE LONGEVIDADE E PRODUÇÃO DE LEITE USANDO INFORMAÇÕES GENÔMICAS EM BUBALINOS

Isabella Silva de Carvalho^{1*}; Sirlene Fernandes Lázaro¹; Gabriela Stefani¹;
Alessandra Alves Silva; Humberto Tonhati¹

¹Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Câmpus de Jaboticabal, Brasil. *isabellas_carvalho@hotmail.com.

A lucratividade da atividade bubalina é altamente dependente da produção de leite. Além disso, a produtividade do rebanho está extremamente associada à longevidade dos indivíduos, uma vez que a permanência das fêmeas contribui para o aumento da produção de leite. Assim, o estudo da associação genética genômica entre a produção de leite e a longevidade é de suma importância, porque além do interesse econômico também tende a acelerar programas de melhoramento e tornar o ganho mais acurado. No entanto, trabalhos nessa área ainda são escassos para búfalos no Brasil. Portanto, este estudo teve como objetivos: 1) estimar os parâmetros genéticos para as características de longevidade (LG) e produção de leite acumulada aos 305 dias (P305) utilizando um modelo animal bicaracterístico e o método *single-step* GBLUP; e 2) estimar o ganho genético para a longevidade através da seleção direta e indireta da produção de leite. Um total de 3.763 primeiras lactações de búfalas leiteiras da raça Murrah, coletadas entre 1987 a 2018, pertencentes a 6 rebanhos brasileiros (Ceará, Rio Grande do Norte e São Paulo) e 960 animais genotipados usando o 90K Axiom Buffalo Genotyping array (45.690 marcadores permaneceram após o controle de qualidade) foram utilizados para estimação dos parâmetros genéticos. O modelo animal incluiu os efeitos aleatórios genético aditivo e residual. Adicionalmente, os efeitos fixos foram os grupos contemporâneos para P305 e LG, a idade ao parto como covariável (quadrático) para a P305. A estimativa de herdabilidade para P305 foi de 0,25 e para LG foi de 0,13. A correlação genética entre as duas características foi de 0,77, indicando que animais com potencial genético para elevada P305 tendem a ser mais longevos. O ganho genético para a LG foi calculado considerando a seleção direta para LG e como resposta correlacionada através da seleção para P305. O ganho genético para a LG foi de 0,13 sob seleção direta, e de 0,14 sob seleção indireta, o que resulta em uma eficiência relativa de seleção de 11% sob seleção para P305 em comparação com a seleção direta. Logo, selecionar a LG com base na P305 pode proporcionar maiores ganhos genéticos para a LG ao invés de selecionarmos diretamente pelo tempo de vida dos animais, visto que a herdabilidade dessa característica é baixa, além de antecipar os ganhos, uma vez que a P305 é medida mais cedo. Dessa forma, a maior eficiência de seleção poderá ser alcançada selecionando os animais mais longevos através da P305.

Palavras-chave: genômica; permanência no rebanho; produção leiteira.

Agradecimentos: Ao CNPq (processo número: 116087/2019-6).



DIVERSIDADE GENÉTICA E ASSINATURAS DE SELEÇÃO PARA ESTRESSE TÉRMICO EM BOVINOS E DUAS ESPÉCIES BOS ADAPTADAS A CONDIÇÕES CLIMÁTICAS DIVERGENTES

Pedro H. F. Freitas^{1*}; Yachun Wang²; Ping Yan³; Hinayah R. Oliveira^{1,4}; Flavio S. Schenkel⁴; Yi Zhang²; Qing Xu⁵; Luiz F. Brito¹

¹Purdue University, USA; ²China Agricultural University, China; ³Chinese Academy of Agricultural Sciences, China; ⁴University of Guelph, Canada; ⁵Beijing Jiaotong University, China. *pfreita@purdue.edu

Compreender os mecanismos biológicos de adaptação climática é de suma importância para a otimização dos programas de melhoramento e conservação dos recursos genéticos. O objetivo deste estudo foi investigar a diversidade genética e desvendar regiões genômicas potencialmente sob seleção para tolerância ao calor e/ou frio em trinta e duas raças bovinas em todo o mundo, com foco em raças locais chinesas adaptadas a condições climáticas divergentes, iaque Datong (*Bos grunniens*) e Bali (*Bos javanicus*) com base em dados genômicos. Em geral, níveis moderados de diversidade genética foram observados na maioria das populações bovinas. A proporção de SNP polimórfico variou de 0,197 (iaque) a 0,992 (gado Mongol). A heterozigosidade observada e esperada variou de 0,023 (iaque) a 0,366 (gado Sanhe) e de 0,021 (iaque) a 0,358 (gado Sanhe), respectivamente. A endogamia média geral ($\pm$ SD) foi: $0,118 \pm 0,028$, $0,228 \pm 0,059$, $0,194 \pm 0,041$ e $0,021 \pm 0,004$ com base no número observado versus esperado de genótipos homozigotos, excesso de homozigose, correlação entre gametas unidos e corridas em homozigose (ROH), respectivamente. Assinaturas de seleção baseadas em múltiplos cenários e métodos (F_{ST} , HapFLK e ROH) revelaram importantes regiões genômicas e genes candidatos. Os genes candidatos identificados estão relacionados a vários processos e vias biológicas, como proteínas de choque térmico, transporte de oxigênio, características anatômicas, manutenção do DNA mitocondrial, atividade metabólica, ingestão de alimentos, conformação da carcaça, fertilidade e reprodução. Isso destaca o grande número de processos biológicos envolvidos na tolerância térmica e, portanto, a natureza poligênica da resiliência climática. Foi realizada uma descrição abrangente de medidas de diversidade genética em gado chinês e iaque. Diversidade genética moderada foi observada entre as populações. Diversas regiões genômicas e genes candidatos potencialmente sob seleção positiva foram identificados. A análise da função enriquecida identificou importantes vias biológicas, funções moleculares e componentes celulares, que contribuem para uma melhor compreensão dos mecanismos biológicos relacionados à tolerância térmica em bovinos. Com base no grande número de regiões genômicas identificadas, a tolerância térmica tem uma natureza de herança poligênica complexa, o que era esperado considerando os vários mecanismos envolvidos na resposta ao estresse térmico.

Palavras-chave: estresse térmico; resiliência climática; varredura seletiva.



ISOLAMENTO, EXPANSÃO E CARACTERIZAÇÃO DE TRÊS TIPOS DE CÉLULAS-TRONCO MULTIPOTENTES DE CERVO-DO-PANTANAL (*BLASTOCERUS DICHOTOMUS*)

Luciana Diniz Rola^{*1,2}; Lara Maluf Tomazella²; Marcos Eli Buzanskas¹; Jacinthe Therrien^{3*} Lawrence Charles Smith³ José Maurício Barbanti Duarte^{2,4}

¹Universidade Federal da Paraíba. ²Núcleo de Pesquisa e Conservação de Cervídeos (NUPECCE). ³Université de Montréal. ⁴Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" *lucianadinizr@gmail.com

O cervo-do-pantanal é uma espécie que corre risco de extinção, sendo classificada como vulnerável pela lista vermelha da IUCN. Uma das principais ferramentas para a manutenção das populações selvagens ameaçadas é a criação de bancos genômicos representativos da diversidade genética das populações remanescentes. Devido às dificuldades em se obter gametas e embriões em espécies selvagens, as células-tronco multipotentes oferecem a possibilidade de obtenção de germoplasma destes indivíduos, uma vez que são de fácil acesso e possuem características desejáveis. Este estudo buscou caracterizar linhagens celulares a partir de três tipos de tecido (chifres, gordura e pele) em cervo-do-pantanal. As biopsias do chifre foram obtidas de três machos que apresentaram troca de chifres, sendo as amostras colhidas de 45-60 dias após o início de seu crescimento. O tecido adiposo foi obtido de três fêmeas a partir da região retroauricular, e a pele, foi obtida de duas fêmeas e um macho da região interna do membro pélvico. Todos os tipos celulares estudados demonstraram capacidade de diferenciação em adipócitos, osteócitos e condrócitos. Eles apresentam rápido tempo de duplicação celular (25,96 horas para os chifres, 32,24 horas para a gordura e de 33,32 horas para a pele) e apresentam expressão de marcadores de pluripotência via RT-qPCR bem como por imunocitoquímica (ICC). Com relação à expressão de transcritos avaliada via RT-qPCR, foram desenhados "primers" específicos para cervo-do-pantanal, sendo avaliados os genes *OCT4*, *SOX2*, *NANOG*, *REX1* e *LIN28*, e o genes *GAPDH*, *RPL13* e *HPRT* foram utilizados como "housekeeping". Esses genes, com exceção do *LIN28*, foram também acessados pela ICC para confirmar a sua expressão. A expressão quantitativa dos transcritos demonstrou diferença significativa ($P < 0,05$) apenas para *LIN28* e *REX1*. Para *LIN28*, a expressão foi maior para a pele, seguida pela gordura e depois pelo chifre. Já para o *REX1* houve diferença apenas entre a pele e a gordura, sendo mais expressa pela pele. Pode-se dizer que o chifre, a pele e a gordura são fontes promissoras para auxiliar na construção de bancos genômicos devido à sua plasticidade e alta taxa de proliferação, bem como a facilidade em sua obtenção. Essas células podem, futuramente, ser utilizadas em técnicas como a transferência nuclear de células somáticas, indução de pluripotência e diferenciação *in vitro* em gametas.

Palavras-chave: Células mesenquimais, cervídeos, germoplasma

Agradecimentos: FAPESP nº 13/13972-0 e 14/02439-2



ETAPAS INICIAIS PARA A PRODUÇÃO IN VITRO DE GAMETAS A PARTIR DE LINHAGENS CELULARES MULTIPOTENTES DE CERVO-DO-PANTANAL

Luciana Diniz Rola^{*1}; Fabiana Fernandes Bressan²; Flavio Meirelles²; Naira Caroline Godoy Pieri²; José Maurício Barbanti Duarte^{3*} Lawrence Charles Smith⁴

¹Universidade Federal da Paraíba. ²Universidade de São Paulo. ³Universidade Estadual Paulista ⁴Université de Montréal. *lucianadinizr@gmail.com

O cervo-do-pantanal é uma espécie ameaçada de extinção, onde a consecução de embriões e gametas tem se mostrado complexa. A fim de manter a diversidade genética das populações, a obtenção de células-tronco adultas e sua posterior diferenciação em gametas seria de grande interesse na conservação da espécie. Nessa perspectiva, este trabalho buscou diferenciar linhagens celulares em células germinativas primordiais (PGCLs). Foram utilizadas uma linhagem celular de chifre, uma de gordura e duas de pele. Inicialmente, as células foram diferenciadas a um estado similar ao de epiblasto (EpiLCs), sendo cultivadas em meio N2B27 suplementado com activina A (20 ng/ml), bFGF (12ng/ml) e KOSR (1%) por dois dias. Posteriormente, foram mantidas em cultivo em suspensão em placas Agreewell 400, e mantidas em meio composto por GMEM suplementado com 15% KOSR, 0,1mM NEAA, 1mM de piruvato de sódio, 0,1mM 2-mercaptoetanol, 2mM L-glutamina e 1% penicilina-estreptomicina, BMP4 (500ng/ml), SCF (100 ng/ml), BMP8b (500ng/ml) e EGF (50ng/ml) por 4 dias. As PGCLs foram coletadas, e metade foi utilizada para imunocitoquímica (ICC), onde foram testados anticorpos para DAZL e DDX4. A outra metade foi utilizada para avaliação de transcritos dos genes *OCT4*, *STELLA*, *STRA8*, *DDX4* e *FRAGILIS* via RT-qPCR com “primers” desenhados para cervo-do-pantanal (*HPRT* e *RPL13* foram utilizados como “housekeeping”). Morfologicamente, as PGCLs obtidas das linhagens de gordura e pele formaram estruturas semelhantes a corpos embrioides. Já nas de chifre, parte das células mantiveram-se aderidas a placa. Para ICC, as PGCLs foram fortemente marcadas para a proteína de DDX4 nos três tipos celulares, e somente uma das linhagens de pele obteve fraca marcação para DAZL. No RT-qPCR, após diferenciação em PGCLs, a maioria das linhagens obteve aumento na expressão dos genes em relação aos controles. Uma vez que os níveis de *FRAGILIS* e *STELLA* se encontraram elevados nas PGCLs provenientes da gordura, podemos supor que elas se diferenciaram até o estágio correspondente aos iniciais da diferenciação (células pré-migratórias e migratórias). As PGCLs obtidas de pele parecem estar em um estágio avançado, uma vez que tem maior expressão de *DDX4* e *STRA8*, o que corresponderia a células migratórias tardias e início da meiose. As células de chifre apresentassem valores de expressão semelhantes aos do grupo controle e, com exceção do gene *Stella*, os demais transcritos tiveram diminuição na sua expressão.

Palavras-chave: Células-tronco, cervídeos, transdiferenciação

Agradecimentos: FAPESP nº 13/13972-0 e 14/02439-2



MODELOS DE NORMAS DE REAÇÃO PARA PESO AO SOBREANO EM BOVINOS NELORE

Ivan Carvalho Filho^{1*}; Delvan Alves da Silva¹; Caio de Souza Teixeira¹; Thales de Lima Silva¹; Fabyano Fonseca e Silva^{2,3}; Lucia Galvão de Albuquerque^{1,3}; Roberto Carneiro^{1,3}.

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil. ²Universidade Federal de Viçosa. ³Pesquisador do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). *ivancf08@gmail.com.

A seleção genética se torna mais assertiva quando diferentes sistemas de produção são considerados, pois muitos animais usados como reprodutores são selecionados em um sistema em que sua progênie não será criada. Dessa forma, entender como esses reprodutores respondem aos vários sistemas de produção é importante para propiciar uma menor sensibilidade à variação ambiental. Dados fenotípicos para peso ao sobreano foram obtidos do banco dados da Aliança Nelore. Mantiveram-se apenas animais com pais conhecidos, de grupos de contemporâneos (GC) com no mínimo 20 animais, restando 455.298 animais distribuídos em 10.534 GC (animais nascidos no mesmo rebanho, safra e estação, do mesmo sexo e criados no mesmo grupo de manejo do nascimento ao sobreano). Primeiramente, foi realizada uma análise com modelo animal, a fim de obter as soluções dos GCs a serem utilizadas como gradientes ambientais (GAs). Depois, foram testados modelos de normas de reação em que os GAs foram considerados como efeito linear, assumindo homogeneidade (NR_homo) e heterogeneidade (NR_hete) de variância residual; e outro modelo em que o mesmo foi considerado como efeito linear-linear, assumindo heterogeneidade de variância residual (NR_I-I). O modelo com melhor ajuste de acordo com os critérios de Akaike foi o NR_I-I, o segundo melhor ajuste foi proporcionado pelo NR_hete; e por último o NR_homo. As estimativas de correlação entre intercepto e inclinação do primeiro segmento foram positivas (de moderadas a altas) para todos os modelos, sugerindo que animais com maior valor genético tendem a apresentar uma moderada sensibilidade ambiental. Para o segundo seguimento do NR_I-I, a correlação entre intercepto e inclinação foi baixa, evidenciando a possibilidade de selecionar animais para aumento de desempenho e para a redução da sensibilidade à variação ambiental. Portanto, conclui-se que os modelos de normas de reação podem auxiliar na seleção de animais com maior peso ao sobreano e com menor sensibilidade à variação ambiental.

Palavras-chave: nelore; norma de reação; peso ao sobreano.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, código de financiamento 001), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP #17/18415-3, #17/10630-2, #18/20026-8 e #19/06361-1) pelo auxílio financeiro e aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore (www.gensys.com.br) por disponibilizarem os dados.



ESTUDO DE CURVAS DE LACTAÇÃO EM BOVINOS MISTIÇOS GIR-HOLANDÊS

Marcos Eli Buzanskas^{1*}; Daiane Daise de Sousa Freire¹; Luciana Diniz Rola¹; Igor Nelson Herculano Duarte¹; Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa¹; Lázaro de Souto Araújo¹; Severino Gonzaga Neto¹

¹Universidade Federal da Paraíba, Campus II, Areia/PB. *marcosbuz@gmail.com

Informações sobre o controle leiteiro em rebanhos bovinos são utilizados para determinar as variações na produção das vacas ao longo da lactação. Com base nisto, modelos matemáticos para ajuste de curvas que melhor representem o padrão da lactação podem ser aplicados e auxiliarão na tomada de decisões quanto a mudança de manejo e seleção dos animais. O objetivo deste trabalho foi analisar os parâmetros produtivos de vacas mestiças em lactação e testar modelos matemáticos que melhor representem as curvas de lactação. Foram utilizados 351 registros de lactações completas obtidos entre 2007 e 2017, em 139 vacas de cinco composições genéticas: 1/2 Holandês – 1/2 Gir (1/2), 1/4 Holandês – 3/4 Gir (1/4), 3/4 Holandês – 1/4 Gir (3/4), 5/8 Holandês – 3/8 Gir (5/8) e 7/8 Holandês – 1/8 Gir (7/8). Os animais são provenientes do Setor de Bovinocultura Leiteira, da Universidade Federal da Paraíba, Campus de Areia. Os modelos matemáticos Ali Schaeffer, Gamma Incompleta, Quadrática Logarítmica e Exponencial Parabólica foram testados por meio a função *lm* do programa estatístico R. Todos os modelos foram ajustados para 305 dias de lactação. Para determinar os modelos mais adequados, utilizou-se os critérios de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC). As composições genéticas 1/2, 1/4, 3/4, 5/8 e 7/8 apresentaram médias para dias em lactação iguais a 253,00, 233,50, 266,00, 270,00 e 295,80 dias, respectivamente; médias para quilogramas de leite no pico da lactação iguais a 19,81, 18,80, 19,83, 20,24 e 21,07 kg, respectivamente; e médias para produção total de leite iguais a 11,85, 11,26, 12,54, 12,84, 12,91 kg, respectivamente. Logo, observou-se que, à medida que a contribuição da raça Holandesa aumentava, houve incremento na produção de leite e maior período em lactação. O modelo Quadrático Logarítmico foi o mais adequado para descrever as curvas de lactação em todas as composições genéticas estudadas, sendo que este modelo apresentou as menores estimativas para critérios AIC e BIC (menores estimativas estão associadas aos modelos mais adequados). Com este modelo, seria possível inferir com maior precisão a produção de leite ajustada para 305 dias, o período de pico de lactação e a magnitude do declínio da lactação até o período de secagem.

Palavras-chave: *Bos taurus indicus*; *Bos taurus taurus*; melhoramento genético.



PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO DA LEITEGADA AO NASCIMENTO, PESO DA LEITEGADA AO DESMAME E INTERVALO DESMAME-CONCEPÇÃO EM SUÍNOS LANDRACE

Marcos Eli Buzanskas^{1*}; Marta da Silva Santos¹; Iasmin Marques Rocha¹;
Giovanna Maria dos Santos Câmara¹; Raíssa Larissa Santos¹; Maria Victória
Henrique Genuíno¹; Luciana Diniz Rola¹; Daniela do Amaral Grossi²

¹Universidade Federal da Paraíba, Campus II, Areia/PB. ²Fast Genetics, Saskatoon, Canadá. *marcosbuz@gmail.com

A suinocultura representa um dos mais importantes segmentos pecuários e é responsável por grande parte da proteína consumida mundialmente. O desenvolvimento neste setor ocorreu devido à aplicação de ferramentas seleção com foco em características de interesse econômico como pesos ao nascimento (PLN) e ao desmame (PLD) da leitegada e intervalo desmame-concepção (IDC), sendo esta última, uma importante característica reprodutiva que indica a capacidade de reconcepção das fêmeas após o desmame de leitões do parto anterior. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para PLN, PLD e IDC em suínos da raça Landrace. Para determinar a significância de efeitos fixos, foi utilizado o procedimento GLM do SAS. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas por meio do programa WOMBAT, sob modelo animal uni-característica, onde foram estimadas a herdabilidade (h^2) e a proporção da variância de ambiente permanente (c^2). Foram utilizados 23.574 (PLN), 20.859 (PLD) e 12.693 (IDC) fenótipos de fêmeas, as quais apresentaram médias de desempenho iguais a $1,51 \pm 0,25$ kg, $68,21 \pm 18,37$ kg e $5,75 \pm 1,27$ dias, respectivamente. Para PLN, PLD e IDC houve influência significativa ($P < 0,001$) dos efeitos fixos de mês e ano de nascimento da leitegada, rebanho, dias em lactação do parto atual e do parto anterior, número de leitões nascidos vivos, ordem de parto e número de leitões desmamados. Para IDC, as co-variáveis de peso dos leitões ao nascimento e ao desmame foram significativas ($P < 0,001$). As estimativas de h^2 para PLN, PLD e IDC foram iguais a $0,41 \pm 0,02$, $0,27 \pm 0,02$ e $0,28 \pm 0,02$, respectivamente; e para c^2 foram iguais a $0,12 \pm 0,01$, $0,08 \pm 0,01$ e $0,05 \pm 0,02$, respectivamente. As estimativas de herdabilidade foram moderadas e indicaram potencial de utilização das características estudadas como critério de seleção para aumento dos pesos ao nascimento e ao desmame, assim como para a redução do IDC. O componente de ambiente permanente, também denominado de ambiente comum da leitegada, foi de baixa magnitude. No entanto, sua inclusão em modelos de estimação de parâmetros é importante para determinar a influência da repetibilidade ao longo das parições das fêmeas.

Palavras-chave: prolificidade; repetibilidade; *Sus scrofa domesticus*.



DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA ESTUDO POPULACIONAL DE OSTRAS NATIVAS DA COSTA SUDESTE-SUL DO BRASIL

Jakeline Rangel Monteiro¹; Alexandre Wagner Silva Hilsdorf¹; Helcio Luis de Almeida Marques²; Márcia Santos Nunes Galvão²

¹Laboratório de Genética de Organismos Aquáticos e Aquicultura, Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, São Paulo, Brasil.

²Unidade de Pesquisa e Desenvolvimento de Pirassununga, Centro de Pesquisa de Aquicultura, Instituto de Pesca, Pirassununga, São Paulo, Brasil.

¹fef_jake@hotmail.com.

As ostras representam um importante recurso genético aquícola e para sua preservação e uso eficaz é necessário caracterizar o status taxonômico das espécies e os níveis de variabilidade genética das populações. O objetivo do presente estudo foi identificar as espécies nativas e exóticas de ostras em áreas de manguezal no litoral sudeste-sul do Brasil, bem como desenvolver e caracterizar *loci* microsatélites (SSR) espécie-específico para *Crassostrea gasar* (Andanson, 1757) (= *C. brasiliana* L.) que se destaca por sua importância econômica para as atividades de pesca e maricultura. As ostras foram coletadas em cinco locais: Florianópolis (SC), Cananeia (SP), Peruíbe (SP), Bertioga (SP) e Paraty (RJ). Para a identificação das espécies foi utilizada a técnica de PCR-RFLP. Os SSR foram desenvolvidos por meio de sequenciamento de nova geração (NGS), utilizando a plataforma Illumina. Trinta pares de *primers* foram selecionados e as reações de PCR foram padronizadas para posterior genotipagem e análises estatísticas. Dos 447 exemplares coletados nos cinco estuários, 148 foram da espécie *C. gasar*, 153 da espécie *C. rhizophorae* e 146 da espécie exótica *Saccostrea cucullata*. Observou-se a presença de grandes bancos de *S. cucullata* na maioria dos locais de coleta. A endonuclease *AluI* testada mostrou ser eficiente para a identificação das espécies nativas, enquanto *S. cucullata* foi facilmente identificada pela morfologia exterior da concha. Dos 30 *loci* SSR selecionados, 11 se mostraram altamente polimórficos (PIC > 0,05) e 5 moderadamente informativos, com valores de PIC variando de 0,374 a 0,804 e média de 0,574. O número de alelos por *locus* variou entre 3 e 9. A heterozigosidade observada e esperada variaram de 0,095 a 0,750 e de 0,464 a 0,850, respectivamente, e 12 *loci* desviaram-se significativamente do equilíbrio de Hardy-Weinberg. A ocorrência em grande escala da espécie exótica *S. cucullata* no presente estudo e a percepção da redução das populações de *C. gasar*, demonstram a necessidade da caracterização dos recursos genéticos selvagens da *C. gasar* para sua preservação na natureza e uso sustentável na aquicultura.

Palavras-chave: ostras; análise molecular; microsatélites.

Agradecimentos: FAPESP (Auxílio Pr. 2016/16108-3), CAPES (Bolsa de Mestrado).



MODELOS DE NORMAS DE REAÇÃO PARA PERÍMETRO ESCROTAL EM BOVINOS NELORE

Caio de Souza Teixeira^{1*}; Delvan Alves da Silva¹; Ivan Carvalho Filho¹; Thales de Lima Silva¹; Lucia Galvão de Albuquerque^{1,2}; Roberto Carneiro^{1,2}.

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, SP, Brasil. ²Pesquisador do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). *cs.teixeira@unesp.br.

As diferenças existentes entre ambientes de produção de bovinos de corte podem influenciar na maneira como as progênie de determinado reprodutor expressam suas características de interesse econômico. Desse modo, torna-se necessário a compreensão das respostas fenotípicas e genéticas relacionadas à cada gradiente ambiental, visando melhorias na resposta à seleção. Objetivou-se avaliar modelos de normas de reação para perímetro escrotal (PE) em bovinos da raça Nelore. Foram utilizados dados fenotípicos de PE oriundos do banco de dados Aliança Nelore. Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por animais do mesmo rebanho, ano, estação e grupo de manejo. Após os critérios de edição (animais com pais conhecidos e dados de GCs com no mínimo de 20 animais), restaram 209.812 animais distribuídos em 4.881 GC. Os gradientes ambientais (GAs) foram obtidos a partir das soluções dos efeitos de GC com a aplicação de um modelo animal. Posteriormente, 3 modelos de normas de reação foram testados. Para o NR_homo assumiu-se homogeneidade para as variâncias dos resíduos dos GAs, NR_hete assumiu variância residual específica para cada GA através de regressão linear. Para o NR_I-I, também foi assumido variâncias residuais heterogêneas e utilizou-se uma função spline linear-linear. De acordo com o critério de AIC, o modelo NR_I-I foi o que apresentou melhor ajuste. As estimativas das correlações genéticas encontradas entre intercepto e inclinação foram moderadas para todos os modelos, evidenciando que animais com maior valor genético num ambiente médio apresentam maior plasticidade com relação aos GAs. Todavia, para o segundo seguimento do NR_I-I, a correlação entre intercepto e inclinação apresentou correlação genética moderada negativa, evidenciando alteração de ranqueamento do mérito genético dos animais, ao contrastar as classificações no ambiente médio e superior. Portanto, a utilização de modelos de normas de reação permite a seleção de animais superiores para cada condição ambiental, além de possibilitar a identificação de animais com menor sensibilidade à variação ambiental.

Palavras-chave: Nelore; norma de reação; perímetro escrotal.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, código de financiamento 001), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP – processos número 17/18415-3, 17/10630-2, 18/20026-8 e 19/06361-1) pelo auxílio financeiro e aos Programas de Melhoramento Genético participantes da base Aliança Nelore (www.gensys.com.br) por disponibilizarem os dados.



ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS DE PESO CORPORAL E DE CARCAÇA EM BOVINOS BRAHMAN

Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa^{1*}; Iasmin Marques Rocha¹; Igor Nelson Herculano Duarte¹; Luciana Diniz Rola¹; Severino Gonzaga Neto¹; Danísio Prado Munari²; Raysildo Barbosa Lôbo³; Marcos Eli Buzanskas¹

¹Universidade Federal da Paraíba, Campus II, Areia/PB. ²Universidade Estadual Paulista. ³Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores.
*ayrtonbessa94@hotmail.com

Com o desenvolvimento da pecuária de corte no Brasil, criadores de bovinos da raça Brahman têm buscado ferramentas do melhoramento genético para obtenção de melhores resultados produtivos e qualitativos. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar as associações genéticas entre características de peso corporal mensuradas em diferentes idades com características de carcaça. Os pesos corporais mensurados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade (P120, P210, P365 e P450); a área olho de lombo (AOL); a espessura de gordura subcutânea (EGS) e a espessura de gordura na garupa (EGP8) foram estudados. As características AOL, EGS e EGP8 foram obtidas por meio de ultrassonografia. Os dados foram depurados por meio do programa computacional SAS, em que a significância dos efeitos fixos foi testada. Para a estimação de parâmetros genéticos, foi utilizado o programa WOMBAT, sob modelo animal, em análises bi-características. Os efeitos fixos significativos ($P < 0,05$) considerados para todas as características estudadas foram: sexo e fazenda-mês-ano de nascimento. A covariável significativa ($P < 0,05$) utilizada para os pesos corporais foi a idade de vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e para as características de carcaça foi a idade à ultrassonografia (efeito linear). As estimativas de herdabilidade direta para P120, P210, P365, P450, AOL, EGS e EGP8 foram iguais a 0,19, 0,23, 0,23, 0,29, 0,24, 0,17 e 0,27, respectivamente. Estimativas de herdabilidade materna para P120, P210, P365 e P450 foram iguais a 0,13, 0,13, 0,15 e 0,11, respectivamente. A estimativa da proporção do ambiente permanente materno para P120 e P210 foi igual a 0,11. As correlações genéticas entre os pesos corporais variaram de 0,80 a 0,97; entre as características de carcaça variaram de 0,07 a 0,77; e entre as características de peso corporal e carcaça variaram de 0,20 a 0,75. Todas as associações genéticas foram favoráveis, podendo-se destacar as observadas entre P450 com AOL, EGS e EGP8, iguais a 0,75, 0,42 e 0,35, respectivamente. Logo, seriam esperados ganhos indiretos nas características de carcaça caso a seleção direta em P450 seja conduzida, uma vez que os genes de ação aditiva que atuam neste peso correspondem, em parte, aos genes responsáveis pelos desempenhos de carcaça. Além disto, a estimativa de herdabilidade direta para P450 indicou que sua seleção poderá proporcionar ganhos genéticos ao longo das gerações.

Palavras-chave: avaliação genética; *Bos taurus indicus*; critérios de seleção.



ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE A HABILIDADE DE PERMANÊNCIA NO REBANHO E CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM ANIMAIS DA RAÇA BRAHMAN

Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa^{1*}; Iasmin Marques Rocha¹; Igor Nelson Herculano Duarte¹; Giovanna Maria dos Santos Camara¹; Luciana Diniz Rola¹; Severino Gonzaga Neto¹; Raysildo Barbosa Lôbo²; Marcos Eli Buzanskas¹

¹Universidade Federal da Paraíba, Campus II, Areia/PB. ²Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto/SP. *ayrtonbessa94@hotmail.com

O estudo de características reprodutivas em bovinos de corte tem como objetivo identificar animais sexualmente precoces e que apresentem longevidade reprodutiva. No entanto, grande parte destas características possuem estimativas de herdabilidade baixas, o que indica que a resposta à seleção seria lenta. Assim, este estudo visou estimar parâmetros genéticos para as características habilidade de permanência (HP), idade ao primeiro parto (IPP) e perímetros escrotais mensurados aos 365 e 450 dias de idade (PE365 e PE450, respectivamente) em animais da raça Brahman. Para HP, definiu-se como “sucesso” as fêmeas que apresentaram pelo menos três partos até os 76 meses de idade, já a “falha” foi definida para aquelas que não atenderam a este critério. Foi utilizado o programa estatístico SAS para determinar a significância dos efeitos fixos para as características estudadas. Os parâmetros genéticos foram estimados por meio do programa THRGIBBS1F90, sob modelo animal, em análises bi-características. Os efeitos fixos significativos ($P < 0,05$) para IPP, PE365 e PE450 foram fazenda, mês e ano de nascimento, enquanto que para HP foram fazenda e ano de nascimento. As médias das estimativas de herdabilidade para HP, IPP, PE365 e PE450 foram iguais a $0,14 \pm 0,04$, $0,09 \pm 0,04$, $0,30 \pm 0,07$ e $0,26 \pm 0,05$, respectivamente. As médias das associações genéticas estimadas entre HP e IPP, HP e PE365, HP e PE450, IPP e PE365, IPP e PE450 e PE365 e PE450 foram iguais a $-0,06 \pm 0,28$, $0,11 \pm 0,20$, $0,33 \pm 0,19$, $0,00 \pm 0,24$, $0,05 \pm 0,22$ e $0,92 \pm 0,04$, respectivamente. Pode-se inferir que as características de perímetro escrotal são altamente associadas, no entanto, são independentes de IPP. Entre HP e IPP, foi verificada associação genética favorável, porém de baixa magnitude e com elevado erro padrão, indicando que esta estimativa é pouco confiável. É indicada a continuidade da coleta de dados para HP e IPP pois, futuramente, será possível confirmar o grau de associação entre estas características. Pode-se destacar a associação genética entre HP e PE450 como favorável e de moderada magnitude, indicando que a seleção de reprodutores com maiores valores genéticos para PE450 resultariam em progênie mais longevas, ou seja, descendentes do sexo feminino que permanecem produtivas até os 76 meses de idade. Além disto, as estimativas de herdabilidade para PE365 e PE450 foram moderadas, indicando que responderiam eficientemente à seleção.

Palavras-chave: *Bos taurus indicus*; critérios de seleção; inferência bayesiana.



ACURÁCIA DE IMPUTAÇÃO PARA DADOS DE SEQUENCIAMENTO DE ÚLTIMA GERAÇÃO EM RAÇAS ZEBUÍNAS

Guilherme Batista do Nascimento¹; Thomaz Marques Sena²; Gustavo Henrique Russo²; Rodrigo Pelicioni Savegnago³; Flavio Schramm Schenkel⁴; Danísio Prado Munari²

³Centro Universitário de Adamantina (UniFAI), ²UNESP – Faculdade Ciências Agrárias e Veterinárias, ³Michigan State University, ⁴University of Guelph.

*thomaz.sena@unesp.br

A partir do desenvolvimento da tecnologia de sequenciamento por meio de sequenciamento de última geração (*next-generation sequencing*, NGS), foi possível incluir os efeitos de mutações causais nos modelos de predição e detectar maior variância genética aditiva. A viabilidade do uso de NGS depende da avaliação do grau de relacionamento genético entre os animais genotipados e sequenciados, a fim de propor a melhor estratégia de imputação. Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar a eficiência da imputação de variantes ao nível de NGS a partir de painéis de genotipagem em animais zebuínos (*Bos taurus indicus*). Os dados de NGS foram oriundos de 50 animais de três raças zebuínas, sendo 43 animais da raça Brahman, quatro Gir e três Nelore e foram cedidos pelo *1000 Bull Genomes Project (Run 7.0)*. As análises de imputação foram conduzidas por meio do programa FImpute v 2.2. Para isso, foi criado um painel de genotipagem em HD para cada animal sequenciado, baseado em variantes compartilhadas com os dados de NGS, correspondendo a 1,97% do total de variantes da população de referência. A eficiência do processo de imputação foi avaliada por meio de validação do tipo “*leave-one-out*” entre os 50 animais sequenciados. A acurácia de imputação foi determinada pela correlação (COR) e taxa de concordância (TC) entre os dados originais e imputados. Os dados de sequenciamento tiveram média de cobertura das *reads* de $15,40 \pm 9,64$, considerando todos os animais. As médias de COR e TC entre as variantes originais e imputadas foram de $0,82 \pm 0,08$ e 82,21%, respectivamente. Menores médias de acurácia para COR e TC, de 0,79 e 80,01%, respectivamente, foram observadas no cromossomo 28. Juntamente com o cromossomo 6, o cromossomo 28 teve a maior média (0,28) de frequência de alelo menor (MAF), obtida pela média de MAF em cada *locus*, dado $MAF > 0,05$. No entanto, maiores valores de acurácia seriam esperados para variantes com valores maiores de MAF. Esses resultados, de modo geral, indicam que o processo de imputação dos genótipos para NGS foi eficiente e que a inclusão de animais de diferentes raças na população de referência eleva as chances de haver múltiplas cópias de determinados alelos, o que favorece na construção dos haplótipos a serem imputados e pode contribuir para melhorar a acurácia.

Palavras-chave: Bovinos, sequenciamento do genoma completo, SNP

Agradecimentos: Ao prof. Flavio Schramm Schenkel pela concessão dos dados, ao CNPq e a Capes pela concessão de bolsas de estudo e de pesquisa.



INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE SOBRE O PERÍMETRO ESCROTAL AJUSTADO EM BOVINOS NELORE

Bárbara M. Nascimento^{1*}; Rodrigo A. Teixeira¹; Laila T. Dias¹

¹Universidade Federal do Paraná. *E-mail do autor apresentador: barbamazetti@ufpr.br.

No Brasil, o uso de touros Nelore avaliados geneticamente tem aumentado ao longo dos anos. Contudo, como o país é heterogêneo em relação às condições climáticas e aos sistemas de produção, espera-se que os filhos de um mesmo reprodutor não sejam superiores em todos os ambientes, indicando a ocorrência de interação genótipo x ambiente (IGE). Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a ocorrência de IGE sobre o perímetro escrotal ajustado para idade (PEi) e idade e peso (PEip), quando utilizados como critério de seleção. Para isso, foram utilizados dados de 119.271 machos pertencentes ao banco histórico do grupo Aliança Nelore. Para o estudo de IGE, utilizou-se o modelo de normas de reação (NR). O ambiente foi descrito através da estimativa do melhor preditor linear não-viesado dos grupos contemporâneos (GC: empresa, fazenda de nascimento, desmama e sobreano, ano e estação de nascimento, grupo de manejo e data juliana de desmama e sobreano), obtida por modelo animal. Nesta análise, o peso ao sobreano (PS) foi a variável resposta, o GC foi considerado efeito fixo e, como covariáveis, os efeitos linear e quadrático de idade ao sobreano. As soluções para os GC, chamadas gradientes ambientais (EG), foram utilizadas para determinar ambientes mais (EG menores) ou menos (EG maiores) desafiadores, totalizando 3.376 EGs. Em seguida, utilizou-se análise de regressão aleatória através do polinômio linear de Legendre, considerando variâncias residuais heterogêneas para PEi e PEip. Nestas, o GC foi utilizado como efeito fixo para ambas as características e para PEi consideraram-se os efeitos linear e quadrático de PS como covariável. A herdabilidade (h^2) variou de 0,35 a 0,41 entre os EGs para PEi, sendo menor nos EGs próximos a zero e maior nos EGs extremos. Já para PEip, h^2 variou entre 0,34 e 0,45, com comportamento crescente conforme o ambiente se tornava mais favorável. Considerando as NR estimadas, houve maior variação no valor genético estimado para PEip no EG mais favorável, comparado ao menos favorável. Contudo, o mesmo não ocorreu para PEi, onde as variâncias foram semelhantes nos dois extremos. Esse resultado indica que para PEip houve efeito de IGE. Assim, as estimativas das diferenças esperadas na progênie, valor usado pelos produtores para a escolha de touros, devem considerar o efeito da IGE. Desse modo, pode-se prever como a progênie do touro selecionado se comportará conforme o ambiente de criação, além de permitir escolher o indivíduo mais adequado à propriedade, quando o objetivo de seleção for precocidade sexual.

Palavras-chave: gado de corte, normas de reação; precocidade sexual.

Agradecimentos: à CAPES pela concessão da bolsa de estudos e ao Gensys Consultores Associados Ltda pela concessão do banco de dados.



INCLUSÃO DE INFORMAÇÃO GENÔMICA NA ESTIMAÇÃO DA ACURÁCIA DE VALORES GENÉTICOS DE TOUROS NELORE

Rebeka Magalhães da Costa^{1*}; Anderson Antonio Carvalho Alves¹; Tatiane Cristina Seleguim Chud²; Priscila Arrigucci Bernardes⁴; Fernando Baldi¹; Raysildo Barbosa Lôbo³; Danísio Prado Munari¹.

¹Universidade Estadual Paulista – FCAV/UNESP Jaboticabal. ²University of Guelph, Canadá. ³Universidade de São Paulo – USP Ribeirão Preto. ⁴Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC

*rebeka.magalhaes@gmail.com

A inclusão de informação genômica na estimação de valores genéticos pode elevar a acurácia de predição. Neste estudo, o objetivo foi avaliar o impacto da inclusão de informação genômica na estimação da acurácia (AC) de valores genéticos de touros Nelore em relação ao número de filhos para ganho de peso diário do nascimento a 120 dias de idade (GP1), de 120 a 210 dias de idade (GP2), de 210 a 365 dias de idade (GP3), de 365 a 450 dias de idade (GP4) e área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS) e espessura de gordura na garupa (EGP8). O conjunto de dados, cedido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), foi constituído por registros de pedigree de 192.483 animais, nascidos entre 1934 e 2016, fenótipos de 80.114 animais e genótipos de 6.302 animais. Na predição de valores genéticos (EBV), considerou-se modelo animal, incluindo efeitos fixos de grupos de contemporâneos e efeito linear da idade da vaca ao parto. Os valores genéticos genômicos (GEBV) foram preditos utilizando metodologia *single step genomic* BLUP, que pondera as informações de pedigree e genômicas disponíveis para a construção da matriz de relacionamento. Os componentes de (co)variância foram estimados utilizando inferência Bayesiana. As AC de EBV e GEBV foram calculadas pela raiz quadrada da diferença de um menos a razão da variância do erro de predição das estimativas dos valores genéticos em relação à variância genética aditiva. Em relação a AC de EBV observou-se que, para touros jovens e que possuem poucos filhos, o uso da informação genômica é vantajoso. Conforme o número de filhos por touro aumenta, as diferenças entre AC de EBV e de GEBV tendem a diminuir, principalmente para GP1, GP4, AOL e EGS, pois touros que possuem elevado número de registros de filhos para essas características já possuem EBV com alta AC. O aumento no valor de AC de GEBV em touros jovens pode favorecer a redução do intervalo de gerações por meio da seleção desses touros. A AOL, se comparada a EGS e a EGP8, foi a característica de carcaça que apresentou maior diferença entre AC de EBV e de GEBV. Deste modo, pode-se concluir que a avaliação de touros jovens com base no GEBV será mais acurada e, se estes forem favorecidos pela seleção, haverá redução do intervalo de gerações no programa de melhoramento genético de bovinos Nelore.

Palavras-chave: Bovinos de corte; GEBV; ssGBLUP.

Agradecimentos: À ANCP pela concessão de dados e ao CNPq pela concessão de bolsas de estudo e pesquisa.



ESTUDO DE ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM BOVINOS CANCHIM POR HOMOZIGOSE DO HAPLÓTIPO ESTENDIDO ENTRE POPULAÇÕES

Igor Nelson Herculano Duarte^{1*}; Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa¹; Raíssa Larissa Santos¹; Maria Victória Henrique Genuíno¹; Luciana Correia de Almeida Regitano²; Danísio Prado Munari³; Donagh Pearse Berry⁴; Marcos Eli Buzanskas¹

¹Universidade Federal da Paraíba. ²Embrapa Pecuária Sudeste. ³Universidade Estadual Paulista. ⁴Teagasc, Animal & Grassland Research and Innovation Centre.
[*igor_herculano@hotmail.com](mailto:igor_herculano@hotmail.com)

A utilização de marcadores moleculares possibilitou a identificação de regiões de assinatura de seleção no genoma de bovinos, sendo estas regiões associadas às características que estão sob seleção e que apresentam aumento nas frequências alélicas em determinados *loci*. O objetivo deste estudo foi identificar assinaturas de seleção em animais da raça composta Canchim e avaliar a funcionalidade dos genes presentes nestas regiões. Genótipos obtidos com o painel Illumina-Bovine HD de 395 animais Canchim e 897 animais Charolês foram utilizados. Animais Charolês foram usados como população de referência para auxiliar na detecção de assinaturas de seleção presentes no Canchim. O controle de qualidade de genótipos foi realizado pelo programa PLINK v.1.9 e a imputação de genótipos pelo programa BEAGLE v.3.3.2. Apenas cromossomos autossômicos foram analisados e considerou-se o mapa ARS-UCD1.2. O total de 479.441 marcadores SNP ("single nucleotide polymorphism") foi utilizado para identificação de assinaturas de seleção por meio da metodologia "Homozigose do Haplótipo Estendido entre Populações", presente no pacote *rehh* do programa estatístico R. Por meio da ferramenta BOVINEMINE, as regiões identificadas foram avaliadas para a presença de genes e suas funções. Nos cromossomos 1, 5, 9, 12, 20, 28 e 29 foram identificados 39 marcadores localizados em 11 genes, no entanto, apenas alguns destes apresentaram funções descritas. Os genes *ATP5PO* e *ITSN1* foram identificados como associados à variabilidade existente para a presença ou ausência de cornos em animais da raça Nelore. Estes genes foram associados à característica de peso aos 210 dias de idade em bovinos da raça Rubia Gallega. Estudos realizados em ovinos de raça Ujumqin e búfalos da raça Mediterrânea, identificaram que o gene *TRHDE* apresenta-se associado à capacidade de adaptação e performance reprodutiva, respectivamente. Em bovinos leiteiros, mutações no gene *GALNT2* foram associadas ao nanismo em bezerros da Nova Zelândia. Marcadores localizados no gene *FAT3* foram associados com a performance reprodutiva em bovinos de corte. Em relação ao gene *U6*, estudos com as raças bovinas Hanwoo e N'Dama identificaram associação com características de qualidade da carcaça. Pode-se concluir que as regiões de assinatura de seleção estão, em grande parte, relacionadas com os critérios de seleção utilizados no programa de melhoramento genético Canchim.

Palavras-chave: *Bos taurus*; Bovinos de corte; genômica.



ASSINATURAS DE SELEÇÃO IDENTIFICADAS EM GENES ASSOCIADOS AO ESTRESSE EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM

Igor Nelson Herculano Duarte^{1*}; Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa¹; Raíssa Larissa Santos¹; Maria Victória Henrique Genuíno¹; Luciana Correia de Almeida Regitano²; Danísio Prado Munari³; Donagh Pearse Berry⁴; Marcos Eli Buzanskas¹

¹Universidade Federal da Paraíba. ²Embrapa Pecuária Sudeste. ³Universidade Estadual Paulista. ⁴Teagasc, Animal & Grassland Research and Innovation Centre. [*igor_herculano@hotmail.com](mailto:igor_herculano@hotmail.com)

Ferramentas de análises genômicas têm sido amplamente utilizadas em animais de produção. Em bovinos de corte, estudos que avaliam alterações das frequências alélicas podem auxiliar na identificação de assinaturas de seleção. O objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar assinaturas de seleção presentes em animais da raça Canchim, utilizando genótipos de animais da raça Nelore como referência. Neste trabalho, foram utilizados genótipos em alta densidade BovineHD - Illumina® BeadChip de 395 animais da raça composta Canchim (população alvo) e 814 animais da raça Nelore (população referência). O controle de qualidade de genótipos foi realizado pelo programa PLINK v.1.9, e em seguida, os genótipos faltantes foram imputados no programa BEAGLE v.3.3.2. Apenas cromossomos autossômicos presentes no mapa ARS-UCD1.2 foram utilizados. O total de 513.930 marcadores SNP ("single nucleotide polymorphism") foram utilizados para identificação de assinaturas de seleção, a qual foi realizada por meio do pacote *rehh*, do programa R, considerando-se a metodologia XP-EHH (homozigose do haplótipo estendido entre populações). Os marcadores identificados como assinaturas de seleção foram pesquisados nas plataformas BIOMART e BOVINEMINE para obter a localização de genes e suas funções. O total de 53 marcadores localizados em 16 genes foi identificado. Os genes *CR2H2* e *RAP1B* estão presentes na região de liberação da corticotrófina, o hormônio responsável pela produção e liberação de cortisol. O cortisol em taxas elevadas, desencadeia respostas de estresse no animal e que podem influenciar negativamente o tempo de ruminação e levar a maior quantidade de vocalizações. Os genes *MYRFL* e *C2orf73* estão relacionados ao receptor de progesterona e à motilidade espermática, respectivamente, e possuem importância em relação às características reprodutivas. Associações dos genes *ACYP2* e *SPTBN1* foram identificadas para características de carcaça, sendo expressos no músculo *Longissimus thoracis*, o qual faz parte do músculo *Longissimus dorsi*, parte da carcaça de alto valor comercial. Por meio da abordagem de assinaturas de seleção foi possível identificar genes associados às características consideradas nos critérios de seleção de ambas as raças. Os genes associados ao estresse merecem destaque, pois poderão auxiliar no direcionamento de programas de avaliação genética quanto ao bem-estar em bovinos de corte.

Palavras-chave: genômica; melhoramento genético; raça composta.



BLOCOS DE HAPLÓTIPOS SOBREPOSTOS ENTRE ANIMAIS CANCHIM E SUAS RAÇAS FUNDADORAS

Maria Victória Henrique Genuíno^{1*}; Igor Nelson Herculano Duarte¹; Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa¹; Giovanna Maria dos Santos Camara¹; Luciana Correia de Almeida Regitano²; Danísio Prado Munari³; Donagh Pearse Berry⁴; Marcos Eli Buzanskas¹

¹Universidade Federal da Paraíba. ²Embrapa Pecuária Sudeste. ³Universidade Estadual Paulista. ⁴Teagasc, Animal & Grassland Research and Innovation Centre.
*vicctoriagh@gmail.com

A utilização de cruzamentos na pecuária permitiu o desenvolvimento de raças compostas adequadas aos sistemas de produção. A raça Canchim foi desenvolvida no Brasil e combina os atributos de resistência a parasitas e adaptabilidade ao ambiente tropical da raça Nelore com o desempenho de carcaça e crescimento da raça Charolês. Este estudo teve como objetivo identificar blocos de haplótipos sobrepostos entre Canchim, Nelore e Charolês e, com isso, caracterizar as regiões identificadas. Genótipos em alta densidade (BovineHD - Illumina) de 395 animais Canchim, 809 animais Nelore e 897 animais Charolês foram utilizados. O controle de qualidade de genótipos resultou em 702.249, 568.562 e 628.614 polimorfismos de nucleotídeo único (SNP). Apenas cromossomos autossômicos foram utilizados e com posições baseadas no mapa ARS_UCD1.2. A fase de ligação e imputação foram conduzidas no programa BEAGLE v.3.3.2. Os blocos de haplótipos para todas as raças foram estimados por meio do programa PLINK v.1.9, sendo sobrepostos entre as raças. Em seguida, os blocos de haplótipos em sobreposição entre as raças foram utilizados para identificar genes presentes nestas regiões e suas funções, por meio da plataforma BOVINEMINE. Os blocos de haplótipos sobrepostos revelaram longos segmentos conservados, com 418,29 kb (cromossomo 13) e 553,17 kb (cromossomo 19) entre Canchim e Nelore; e com 419,72 kb (cromossomo 8) e 578,51 kb (cromossomo 10) entre Canchim e Charolês. Os blocos de haplótipos sobrepostos entre Canchim e Nelore e entre Canchim e Charolês indicaram que regiões preservadas das raças fundadoras (ou seja, Nelore e Charolês) estão presentes no Canchim mesmo após sucessivas gerações de acasalamento. Genes relacionados ao sistema imunológico (*ASXL1*, *C5*, *CNTN1*, *FBXW2*, *HCK*, *ITGB1*, *KIF3B*, *SREBF1* e *TM9SF4*) residem em blocos de haplótipos compartilhados e refletem a adaptabilidade animal, podendo ter beneficiado o gado Canchim para resistir e prosperar nas condições tropicais. Genes envolvidos na biossíntese de ácidos graxos, colesterol, metabolismo lipídico e diferenciação de adipócitos (*FLII*, *LOC101904668*, *PEMT*, *PLAGL2* e *SREBF1*) foram identificados e podem ter importante papel na reprodução. Genes associados a características comportamentais (*PRPSAP2*, *RAI1* e *RASD1*) estão conservados entre animais Canchim e Nelore, sendo características importantes para os programas de melhoramento em ambas as raças.

Palavras-chave: desequilíbrio de ligação; genômica; recombinação.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE PORCOS MOURA

Anna M. Batista¹; Francisco Rosa^{1*}; Danielle A. de Faria²; Laila T. Dias¹; Marson B. Warpechowski¹; Mônica C. Ledur³; Ricardo Zanella⁴; José Braccini Neto⁵

¹Universidade Federal do Paraná; ²Universidade de Brasília; ³EMBRAPA Suínos e Aves; ⁴Universidade de Passo Fundo; ⁵Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

*Apresentador: ffrancisco.rosa@gmail.com

Apesar dos esforços para conservação realizados desde 1985, o rebanho da raça Moura ainda é muito restrito, e os poucos estudos genômicos publicados até o momento usaram número pequeno de amostras, em geral provenientes de plantéis institucionais. Neste estudo foi avaliada a diversidade genética, a diferenciação e a estrutura populacional dos porcos Moura remanescentes em criações *in situ* da região Sul, além de plantéis institucionais e amostras no Banco Brasileiro de Germoplasma animal (BBGA), somando amostra de 127 porcos genotipados com o Illumina® Porcine SNP60 v2 Beadchip. O controle de qualidade foi baseado em *Call Rate* < 0,95, Frequência Alélica Mínima (MAF) < 0,05, Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EWH) $p < 0,0001$ e Desequilíbrio de Ligação (LD) $r^2 > 0,5$, restando 14.156 SNPs, usados para estimar a variabilidade intrapopulacional por meio da heterozigosidade média observada (H_o), heterozigosidade média esperada (H_e) e o coeficiente de endogamia (F_{IS}). Também foi avaliada a variabilidade interpopulacional por componentes principais (CP), análise de variância molecular (AMOVA), Matriz Par a Par de F_{ST} , e a análise de estruturação de população. Os valores de H_o variaram de 0,368 a 0,658 e H_e de 0,351 a 0,560. Não houve F_{IS} significativo em nenhum dos plantéis avaliados. Os três primeiros CP explicaram 4,74%, 3,0% e 2,38% da variação genética, e o primeiro CP indicou que a raça estava bem distribuída nos plantéis remanescentes. A AMOVA indicou 8,51% da variação genética entre os plantéis, -5,71% entre indivíduos dentro dos plantéis e 97,2% de variação individual geral. O maior valor de F_{ST} observado foi de 0,387 entre Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Para análise de estruturação das populações, foi estimado que a maior parte da diversidade entre os indivíduos ficou organizada em sete grupos, permitindo identificar as linhagens remanescentes conhecidas, e avaliar a presença delas nos plantéis de conservação institucionais. A variabilidade genética observada é suficiente para subsidiar programas de melhoramento genético e de conservação *in situ*. Os resultados serão úteis para o enriquecimento dos Bancos de Germoplasma, e evidenciam a importância das criações *in situ*, a maioria de subsistência, para a diversidade e conservação da raça.

Palavras-chave: Genômica; *Sus scrofa*; variabilidade genética.

Agradecimentos: Às demais instituições envolvidas no trabalho, IAPAR-IDR, EMBRAPA CENARGEN, UDESC, UEPG e UNESP Câmpus de Ilha Solteira. À CAPES e ao CNPq pelo financiamento parcial e bolsas. Aos criadores de porcos da raça Moura.



RELAÇÃO ENTRE SELEÇÃO PARA PESO AO SOBREANO E TAMANHO ADULTO EM FÊMEAS NELORE

Juliana V. Portes^{1*}; Joslaine N.S.G. Cyrillo²; Lenira El Faro²; Rodrigo A. Teixeira¹, Maria Eugênia Z. Mercadante², Sarah F.M. Bonilha², Cláudia H.F. Zago¹, Laila T. Dias¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná. ²Instituto de Zootecnia de Sertãozinho – São Paulo. *E-mail do autor apresentador: juh@zootecnista.com.br

Em função da correlação genética positiva entre os pesos avaliados em diferentes idades é provável que a seleção para peso, realizada pela maioria dos programas de melhoramento de gado de corte brasileiros, tenha como consequência o aumento do tamanho adulto dos animais. Porém, ainda hoje, existem poucas informações medidas após os dois anos de idade, o que dificulta a avaliação adequada dessas características. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos de pesos corporais e alturas de garupa de fêmeas Nelore de 1 a 8 anos de idade, utilizando um modelo multicaracterístico de regressão aleatória, via inferência bayesiana, e determinar o melhor momento para selecionar as fêmeas para tamanho adulto. Foram utilizados 33.569 registros de peso de 3.860 fêmeas e 31.804 registros de altura de garupa de 3.487 fêmeas, nascidas de 1981 a 2012, do programa de melhoramento do Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte – IZ, que consiste em três linhas de seleção: Seleção e Tradicional, selecionadas com base no maior diferencial de seleção para peso pós-desmame, e uma linha Controle, selecionado com base em um diferencial de seleção igual a zero. Em todas as linhas, o critério de seleção é o peso ajustado para 378 dias de idade nos machos e para 550 dias de idade nas fêmeas. Os pesos e alturas de garupa foram medidos aos 378, 450 e 550 dias de idade, no início e no final da estação de monta (novembro e fevereiro), ao parto (agosto a novembro) e ao desmame (abril e maio). Para o peso corporal, o modelo de análise incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e o estado fisiológico da vaca para prenhez e lactação, e a idade ao parto (linear e quadrática) e o polinômio de Legendre $k = 3$ da idade do animal (regressão quadrática) como covariáveis, além dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente animal. Para a altura de garupa, o modelo incluiu o efeito fixo de grupo de contemporâneos, como covariáveis a idade da vaca ao parto e o polinômio de Legendre $k = 3$ da idade animal (regressão quadrática) e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente animal. A análise considerou polinômios de $k = 3$ para modelar os efeitos aleatórios e o resíduo foi considerado homogêneo. As estimativas de herdabilidade para peso corporal variaram entre 0,26 – 0,59 e para altura de garupa de 0,52 – 0,86. As correlações genéticas entre os pesos (0,49 – 0,99), entre as alturas de garupa (0,83 – 0,99) e entre pesos e alturas de garupa (0,76 – 0,82) em diferentes idades foram altas e positivas, sugerindo que a seleção em qualquer idade irá modificar o tamanho adulto. O uso de índices de seleção que contemplem pesos em diferentes idades, incluindo peso adulto, e altura de garupa podem ser efetivos para obtenção do tamanho adulto adequado das vacas ao sistema produtivo.

Palavras-chave: bovinos de corte; correlação genética; herdabilidade.

Agradecimentos: à CAPES e CNPq pelas bolsas concedidas aos autores.



CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE INDICADORES ZOOTÉCNICOS E CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM OVELHAS MORADA NOVA

Aline Vieira Landim^{1*}; Genilson Cesar Alves¹; Hélio Araújo Costa¹; Wilder Ortiz Vega¹

¹Universidade Estadual Vale do Acaraú. *E-mail: (alinelandim@yahoo.com.br).

O estudo das correlações fenotípicas permite identificar variáveis associadas par a par. Segundo as características envolvidas, o impacto no processo produtivo e de seleção de indivíduos pode ser significativo. Objetivou-se estabelecer as correlações fenotípicas entre indicadores zootécnicos pré-desmama e características produtivas em ovelhas Morada Nova (MN). Ovelhas MN adultas (3 – 5 anos), multíparas, das variedades vermelha (MNV; n=25) e branca (MNB; n=10) foram avaliadas durante uma estação de reprodução na Fazenda Experimental da Universidade Estadual Vale do Acaraú, em Sobral-CE. Nos 15 dias anteriores a estação de monta, receberam flushing de 0,300 kg/cabeça de ração balanceada. Permaneceram com e água e sal mineral *ad libitum*. As matrizes foram mantidas pela manhã em caatinga raleada e ao final da tarde suplementadas com volumoso de capim Canarana erecta lisa (*Echinochloa pyramidalis*). As ovelhas foram pesadas e avaliado o escore de condição corporal (ECC 1 a 5) no início da estação de monta e após o parto, a prolificidade, peso dos cordeiros ao nascimento e à desmama foram registrados. O ganho de peso total dos cordeiros entre nascimento e desmama, ganho de peso médio diário (g), quilogramas de cordeiro desmamado, taxa de desmama (%) e produtividade real na lactação (kg) foram calculados. Foi realizada análise de correlações entre as variáveis mensuradas e os indicadores de produção em ovelhas Morada Nova, utilizando o método de Pearson com significância de 1 e 5%. O ECC na monta está associado positivamente com peso ao parto ($r=0,34$; $P<0,05$), e prolificidade ($0,32$; $P<0,05$) e negativamente com taxa de desmama ($r=-0,40$; $P<0,05$). O peso da matriz na monta apresentou correlação positiva e de moderada a alta magnitude com peso da matriz ao parto ($0,89$; $P<0,01$), prolificidade ($0,40$; $P<0,05$), peso dos cordeiros ao nascimento-PN ($0,53$; $P<0,01$) e à desmama-PD ($0,62$; $P<0,01$), ganho de peso médio diário-GPMD ($0,62$; $P<0,01$), ganho de peso total-GPT ($0,56$; $P<0,01$), quilogramas de cordeiro desmamado-KCD ($0,66$; $P<0,01$) e produtividade real da matriz por lactação-PRML ($0,35$; $P<0,05$). O peso da matriz ao parto apresentou correlação no mesmo sentido do peso de monta, porém com magnitude superior, com destaque para sua associação com PRML ($0,51$; $P<0,01$). O escore da matriz ao parto foi correlacionado com PN, PD, GPMD e GPT com valores de “r” variando de 0,35 até 0,46. Conclui-se que características como escore corporal e peso da matriz no momento da cobertura e parto são fundamentais na obtenção de indicadores zootécnicos adequados em ovelhas Morada Nova.

Palavras-chave: desempenho; escore corporal; seleção genética

Agradecimentos: FUNCAP, CAPES, CNPq.



CRUZAMENTO RECÍPROCO ENTRE VARIEDADES DE OVINOS MORADA NOVA: DESEMPENHO DOS CORDEIROS ATÉ A DESMAMA

Tiberyo Mendes Brito¹; Wilder Ortiz Vega¹; Genilson Cesar Alves¹; Hélio Araújo Costa¹; Aline Vieira Landim¹

¹Universidade Estadual Vale do Acaraú. *E-mail: tiberyobrito@hotmail.com

A raça Morada Nova (MN) se encontra ameaçada de extinção, em parte devido a sua baixa utilização em sistemas de produção de carne ovina. Os cruzamentos são usados para explorar as diferenças entre raças, linhagens ou variedades em características individuais e maternas, a fim de obter os benefícios da heterose. Objetivou-se avaliar o efeito do cruzamento recíproco entre variedades MN no desempenho dos cordeiros até desmama. Foram utilizadas ovelhas MN adultas multíparas com idade entre 3 – 5 anos (n=35), das variedades vermelha (MNV) e branca (MNB), acasaladas em cruzamento recíproco com três reprodutores das mesmas variedades. Após os cruzamentos-acasalamentos, foram obtidos cordeiros e avaliado seu desempenho assim: matriz vermelha com reprodutor vermelho, MNV (n=17), matriz branca com reprodutor vermelho, MNBxMNV (n=10) e matriz vermelha com reprodutor branco, MNVxMNB (n=14). As matrizes foram mantidas pela manhã em caatinga raleada e ao final da tarde recebiam ração balanceada mais volumoso de capim Canarana erecta lisa (*Echinochloa pyramidalis*). Após o nascimento os cordeiros foram identificados. A pesagem foi realizada semanalmente do nascimento ao desmame. A partir da segunda semana de vida foi incluído suplemento no sistema de “creep feeding” durante duas vezes ao dia. A dieta foi balanceada segundo requerimentos para a idade e foi composta por: milho, farelo de soja e calcário, mais capim e cana-de-açúcar picada na proporção de 60:40, respectivamente. Foram desmamados aos 90 dias. Foram avaliadas as características: peso dos cordeiros ao nascimento (PN) e à desmama (PD), o ganho de peso médio diário (GPMD; g), ganho de peso total dos cordeiros entre nascimento e desmama (GPT, kg) e a sobrevivência (%). O efeito do grupo genético foi estimado através de análise de variância; as médias das características foram comparadas pelo teste de SNK a 5% de probabilidade. Cordeiros MNBxMNV nasceram mais pesados ($2,76 \pm 0,62$) que os MNV ($2,28 \pm 0,46$), ($P < 0,05$) e com peso semelhante aos MNVxMNB ($2,43 \pm 0,33$). O PD dos cordeiros MNV e MNVxMNB foi menor ($P < 0,05$) em relação aos cordeiros MNBxMNV com médias de $10,07 \pm 2,14$; $11,95 \pm 2,38$ e $14,31 \pm 2,89$, respectivamente. Nas variáveis GPMD e GPT o mesmo padrão foi observado, com médias de $159,03 \pm 32,14$ g e $11,55 \pm 2,62$ kg para o grupo MNBxMNV vs $111,97 \pm 23,81$ g e $7,74 \pm 2,05$ kg nos cordeiros MNV. A menor sobrevivência foi obtida em cordeiros MNVxMNB ($P < 0,05$). A introdução da MNB como matriz melhorou o desempenho dos cordeiros do nascimento até a desmama havendo influência positiva da heterose.

Palavras-chave: confinamento; heterose; raça nativa

Agradecimentos: FUNCAP, CAPES, CNPq.



EFEITO MATERNO SOBRE O DESEMPENHO PRODUTIVO DE OVELHAS MORADA NOVA VARIEDADES VERMELHA E BRANCA

Genilson Cesar Alves^{*1}; Wilder Ortiz Vega¹; Hélio Araújo Costa¹; Aline Vieira Landim¹

¹Universidade Estadual Vale do Acaraú. *E-mail: (genillson.cesar@gmail.com)

O desempenho dos cordeiros até a desmama tem reconhecida influência materna. A raça Morada Nova (MN) se caracteriza pela sua adaptabilidade a região semiárida Nordeste, e é utilizada pelos criadores principalmente na sua variedade vermelha. Atualmente, a variedade branca se encontra em perigo de extinção. O objetivo foi investigar o efeito materno das variedades vermelha (MNV; n=25) e branca (MNB; n=10) sobre características de desempenho produtivo. Ovelhas MN adultas (3 – 5 anos), múltiparas foram avaliadas durante uma estação de reprodução. O experimento foi conduzido na Universidade Estadual Vale do Acaraú, Sobral – CE. O peso e escore de condição corporal foram avaliados no início e no fim da estação de reprodução. Nos 15 dias anteriores a estação de monta as ovelhas receberam flushing de 0,300 Kg/cabeça, de ração balanceada a base de milho (76,9%) e farelo de soja (22,5%) e calcário (0,57%), com consumo de água e sal mineral *ad libitum*. As matrizes foram mantidas pela manhã em caatinga raleada e ao final da tarde recebiam ração balanceada mais volumoso de capim Canarana erecta lisa (*Echinochloa pyramidalis*). Foram avaliadas as características: Escore e peso da matriz na cobertura e ao parto, prolificidade, peso dos cordeiros ao nascimento e à desmama, o ganho de peso total dos cordeiros (nascimento à desmama), ganho de peso médio diário (g), quilogramas de cordeiro desmamado, taxa de desmama (%) e produtividade real na lactação (kg). O efeito materno da variedade foi estimado através de análise de variância e as médias comparadas pelo teste de SNK a 5% de probabilidade. Foi observado efeito ($P < 0,05$) entre as variedades sobre as variáveis analisadas, exceto para o escore corporal ($P > 0,05$). A MNB apresentou maior peso ao nascimento ($2,76 \pm 0,62$ kg), peso à desmama ($14,31 \pm 2,89$ kg), ganho de peso médio diário ($159,03 \pm 32,14$ g) e produtividade real por lactação ($17,58 \pm 8,3$ kg) quando comparado à MNV ($2,35 \pm 0,41$ kg, $10,73 \pm 2,36$ kg, $119,24 \pm 26,24$ g e $11,34 \pm 8,36$ kg, respectivamente). Ovelhas MNV foram mais prolíficas ($1,70 \pm 0,64$ % vs $1,20 \pm 0,42$ na MNB). Os resultados sobressalientes da MNB em características que sofrem efeito materno permitem concluir que, no sistema de criação descrito, esta apresenta vantagens sobre à MNV, porém ressaltamos a importância de continuar avaliações com maior número e maior tempo. Análises econômica, de cruzamento recíproco e de outras características devem realizadas a fim de estimar o valor real dos efeitos nos sistemas produtivos de ovinos de corte onde a raça MN seja inserida.

Palavras-chave: conservação de recursos; linha materna; ovinocultura de corte.

Agradecimentos: FUNCAP, CAPES, CNPq.



CURVA DE CRESCIMENTO EM CRUZAMENTOS RECÍPROCOS DAS RAÇAS OVINAS MORADA NOVA, RABO LARGO E SANTA INÊS

Genilson Cesar Alves^{1*}; Wilder Ortiz Vega¹; Hélio Araújo Costa¹; Aline Vieira Landim¹

¹Universidade Estadual Vale do Acaraú. *E-mail: (genillson.cesar@gmail.com).

O cruzamento entre raças nativas é considerado uma forma de manter variabilidade genética em populações ameaçadas de extinção, e contribuir com a conservação de recursos genéticos. No entanto, é necessário conhecer o crescimento de tais cruzamentos a fim de planejar sua utilização. Objetivou-se avaliar o crescimento de cordeiros oriundos de cruzamentos recíprocos das raças Morada Nova (MN), Rabo Largo (RL) e Santa Inês (SI). Foram utilizados 30 cordeiros desmamados (85 ± 6 dias), machos e fêmeas, derivados dos acasalamentos-cruzamentos MN x MN (MN; $n=10$), RL x MN (RBF1; $n=10$) e SI x MN (SIF1; $n=10$), sempre tendo como linha materna a raça MN. Foram terminados em pasto nativo de caatinga raleada, e suplementados no final da tarde com capim Canarana erecta lisa (*Echinochloa* sp) (*ad libitum*), concentrado (conforme a fase de crescimento), água e sal mineral à vontade. Os cordeiros foram pesados ao nascer e semanalmente até o abate (idade de 308 ± 8 dias) e peso médio de $24,01 \pm 3,71$ Kg. Para estimar o crescimento em função do peso-idade, utilizaram-se os modelos: Gompertz, Logístico, Richards, Brody e Von Bertalanffy. Foram considerados como critérios de eleição do melhor modelo o maior coeficiente de determinação (R^2), o menor valor do quadrado médio do erro, a significância do modelo ($P < 0,05$), assim como o peso assintótico de cada grupo genético e sexo. Avaliou-se a influência do sexo sobre os parâmetros da curva do modelo selecionado mediante ANOVA com médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Assim, definiu-se uma curva comum para machos e fêmeas na raça MN; no caso dos animais RBF1 e SIF1 foram geradas curvas segundo o sexo. Foi gerada a curva de crescimento para os grupos testados até os 314 dias. O melhor modelo em todos os grupos avaliados foi o Gompertz. Valores de R^2 variaram entre 0,96 (MN e SIF1 machos) até 0,98 (RBF1 machos). Fêmeas SIF1 apresentam maturidade precoce em comparação aos grupos avaliados (maior velocidade de crescimento), seguida pelas fêmeas RBF1 e machos SIF1. Machos RBF1 obtiveram menor taxa de crescimento. O ponto de inflexão da curva, nas fêmeas SIF1 foi atingido aos 106 dias de idade, (11,77 kg) e nos animais MN aos 157 dias (11,14 kg). Os grupos mais tardios foram os machos RBF1 e SIF1 com 321 e 180 dias, respectivamente. O crescimento dos animais estudados, sob sistema de terminação em pasto nativo apresenta diferenças particulares. Portanto recomenda-se a utilização de fêmeas SIF1 e animais MN devido a sua maior velocidade de crescimento e menor peso assintótico, no sistema de manejo descrito.

Palavras-chave: maturidade; ponto de inflexão; precocidade

Agradecimentos: FUNCAP, CAPES, CNPq.



ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS SANTA INÊS

Luara Afonso de Freitas¹; Ricardo Dutra do Bem², Leonardo Sartori Menegatto¹, Nedenia Bonvino Stafuzza²; Bianca Vilela Pires¹; Ricardo Lopes Dias da Costa³; Rodrigo Pelicioni Savegnago⁴; Claudia Cristina Paro de Paz^{1,2}

¹Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP, Brasil. ²Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de Pesquisa em Bovinos de Corte, Sertãozinho, SP, Brasil. ³Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil. ⁴Michigan State University, Michigan, Estados Unidos.

*E-mail do autor apresentador: luaraa.freitas@gmail.com

A busca por rebanhos com animais geneticamente resistentes vem se tornando uma alternativa sustentável de profilaxia das verminoses, reduzindo o número de aplicação de anti-helmínticos e aumentando a produção. Diante disso, este trabalho teve como objetivos comparar as estimativas de herdabilidade encontradas em análises unicaracterística (UNI) e multicaracterística (MULT) para características indicadoras de resistência a nematódeos gastrintestinais e peso corporal, e verificar a correlação genética entre as características. O banco de dados continha registros de 863 ovinos da raça Santa Inês. As características analisadas foram: contagem de ovos nas fezes (OPG), volume globular (VG), proteína plasmática total (PPT) e peso corporal (PC). Os componentes de covariância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita em modelo animal UNI e MULT no software Wombat, que incluiu os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual e o efeito fixo de grupo de contemporâneo. As estimativas de herdabilidade variaram de $0,09 \pm 0,08$ a $0,48 \pm 0,11$ para o modelo UNI e de $0,15 \pm 0,09$ a $0,41 \pm 0,13$ para o modelo MULT. Para as características PPT e PC houve um aumento na estimativa de herdabilidade nas análises MULT em relação a UNI, podendo ser explicado pela redução do viés das estimativas quando avaliadas de maneira conjunta. Observou-se existência de variabilidade genética aditiva para VG (UNI: $0,48 \pm 0,11$; MULT: $0,41 \pm 0,13$) e PC (UNI: $0,34 \pm 0,10$; MULT: $0,32 \pm 0,10$) suficiente para resultar em ganhos genéticos com a seleção direta. A correlação genética entre PC e OPG foi de $-0,61 \pm 0,35$ indicando que a utilização do PC como critério de seleção poderia selecionar indiretamente animais com menores quantidades de ovos nas fezes (OPG). O modelo de análise MULT é o mais recomendado para avaliações genéticas por reduzir o viés das estimativas e apresentar correlações genéticas com as demais características. A seleção dos animais baseada no PC é recomendada devido as moderadas estimativas de herdabilidade e correlação genética com OPG.

Palavras-chave: correlação genética; herdabilidade; *Ovis aries*.

Agradecimentos: FAPESP (Processos: 2012/15982-0, 2016/14522-7 e 2018/01540-2), CNPq e CAPES.



DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA VARIEDADE BRANCA

José Ernandes Rufino de Sousa¹; Daniel Caetano Sales¹; Marcos Aurélio Assunção¹; Wanderson Lucas Alves dos Santos¹; Samuel Freitas Nunes¹; Débora Andrea Evangelista Façanha¹

¹ Universidade Federal Rural do Semiárido. * ernandes@ufersa.edu.br

A ARCO reconhece para a raça Morada Nova duas pelagens, a tradicional vermelha e uma variedade branca, sendo esta última, pouco utilizada nos sistemas de produção. Um levantamento do efetivo da população de morada nova branca (SILVA et al., 2012) constatou que a variedade está em situação de risco segundo a FAO. O presente trabalho realizou estudo molecular com uso de marcadores tipo SNPs em 68 animais pertencentes a sete rebanhos de ovinos da raça Morada Nova variedade branca, com o objetivo de conhecer a estrutura e diversidade genética da população, para subsidiar estratégias para conservação e melhoramento desse genótipo. Amostras de 4mL de sangue foram coletadas por meio da punção da veia jugular em tubo Vacutainer contendo EDTA. Parâmetros de diversidade genética foram estimados usando o software Arlequin 3.5.1.330. Para avaliar a estratificação da população a análise de componentes principais foi realizada com o SNP & Variation Suite v8.6 (SVS) (Golden Helix, Inc., Bozema, MT, www.goldenhelix.com). A análise estrutural da população foi realizada com o ADMIXTURE 1.2.231, que se baseia na máxima verossimilhança. A estatística básica do kit OvineSNP50 BeadChip (54.241 SNP) mostrou que mais da metade dos marcadores são polimórficos para a variedade branca da raça Morada Nova. Analisando os sete rebanhos apenas três estava em equilíbrio de Hardy-Weinberg. A endogamia entre os indivíduos foi considerada de baixa magnitude ($F < 0,1$) e a diferenciação genética entre as subpopulações também foi baixa ($F_{ST} < 0,05$) revelando ausência de estruturação da população e demonstrando que há trocas genéticas entre os grupos, visto que não ocorreu estratificação precisa da população. Os resultados sugerem que a situação da raça Morada Nova variedade branca é delicada. O efetivo populacional muito pequeno, associado à falta de diferenciação entre as subpopulações, dificulta a tomada de decisão para manutenção dos baixos níveis de parentesco entre os animais. Ressaltam-se nesse sentido a necessidade da elaboração de estratégias para gerir e fomentar essas populações.

Palavras-chave: Conservação; Genotipagem; Variabilidade Genética.



RELAÇÃO ENTRE ENDOGAMIA E VALORES GENÉTICOS PARA DISPLASIA COXOFEMORAL EM CANINOS DO CLUBE PAULISTA DO LABRADOR

Fabiana Michelsen de Andrade¹; Luíza Pinto Coelho Ribeiro Jardim¹; Fernando Meurer¹; Karine Aparecida Rodrigues de Souza¹; Alexandra Fabielle Pereira Viana¹; Jaime Araújo Cobuci¹

¹Grupo de Pesquisa MegaGen, Universidade Federal do Rio Grande do Sul;
e-mail:fabiana.michelsen@hotmail.com

Apesar do tamanho expressivo da população de caninos no país a área de melhoramento genético é praticamente inexplorada nesta espécie. Ainda que o controle da endogamia seja de grande importância para a manutenção dos recursos genéticos de uma raça, não existem estudos envolvendo este parâmetro populacional para o Labrador Retriever criado no Brasil. Além disso, a raça tem sofrido com a alta prevalência de displasia coxofemoral (DCF) e os métodos de seleção de reprodutores baseados no fenótipo não tem sido suficientemente efetivos. Desta forma, nossos objetivos foram avaliar o nível de endogamia da população e prever valores genéticos (VG) para DCF, assim como investigar possível relação da endogamia com o mérito genético dos cães. Foram utilizados os registros de raio-X de 86 cães de criadores do Clube Paulista do Labrador. As categorias de A a E utilizadas para a classificação do raio-X coxofemoral foram transformadas em escores de 1 (para classificação A) a 5 (para classificação E). Utilizando o site k9data.com foram traçadas cinco gerações de ancestrais, totalizando 1.072 animais no arquivo de pedigree. A endogamia foi obtida através do software CFC. Devido à menor disponibilidade de dados de raio-X, uma subpopulação de 698 cães foi utilizada para avaliação genética. Os valores genéticos (VGs) para DCF foram preditos através do modelo animal e metodologia das Equações de Modelos Mistos via uso do software REMLF90. Para esta subpopulação menor, a relação entre valores do coeficiente de endogamia (F) e dos VGs foi avaliada através de teste t utilizando o pacote R. O valor médio de F foi de 0,59%, com 179 cães considerados endogâmicos (16,7%). Os VGs variaram entre -0,266 e 0,900, indicando existir variabilidade genética suficiente para seleção de reprodutores para DCF. Valores negativos estão relacionados a melhores méritos genéticos para DCF, enquanto valores positivos a piores méritos genéticos. Quando os VGs de animais endogâmicos e não endogâmicos foram comparados, nenhuma diferença foi observada ($p=0,63$). Os níveis de endogamia detectados na presente amostra populacional estão dentro do esperado para a manutenção da variabilidade genética numa população de caninos e abaixo dos níveis relatados na literatura. Concluímos que o uso dos VGs para DCF pelos criadores pode ser uma importante ferramenta para diminuição da prevalência dessa doença, visando assim promover maior sustentabilidade da criação nacional.

Palavras-chave: depressão endogâmica; bem-estar animal; método REML

Agradecimentos: CAPES(código de financiamento 001) e CNPq pelo fornecimento de bolsas



ANÁLISES MULTIVARIADA APLICADA A CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE OVINOS MORADA NOVA VARIEDADE BRANCA

Daniel Caetano Sales^{1*}; Marcos Aurélio Assunção¹; Wanderson Lucas Alves dos Santos¹; Samuel Freitas Nunes¹; José Ernandes Rufino de Sousa¹; Débora Andrea Evangelista Façanha¹

¹ Universidade Federal Rural do Semiárido. * danielcaetanosalles@gmail.com

A partir da subjetividade e pouca informação técnica do padrão racial da variedade branca de ovinos Morada Nova e da situação de risco em que a mesma se encontra o presente estudo objetivou caracterizar o fenótipo e fornecer informações para subsidiar a seleção a partir de dados de morfometria corporal, índices zootécnicos e imagens fotográficas. Foram realizados testes de média para caracterização; análise de componentes principais e discriminante canônica visando identificar quais características são mais importantes na caracterização e na diferenciação dos animais. A análise estatística foi dividida em duas etapas. Primeiramente, os dados métricos foram verificados quanto à presença de outliers, esses foram imputados pela mediana de cada variável. Os índices zoométricos de interesse etnológicos (índice cefálico= 41,9; índice torácico= 60,2; índice corporal= 0,80 e índice pélvico= 105,8) classificam os animais como dolicocefalos, longilíneos, brevilíneos e com boa habilidade materna por parte das fêmeas, respectivamente (SAÑUDO, 2009). O índice corporal lateral (94,9) e índice dactilotorácico (9,3) indicam uma provável aptidão leiteira, enquanto que o índice de capacidade corporal 1 (0,6), índice de capacidade corporal 2 (0,5), índice pélvico transversal (32,4), índice pélvico lateral (30,5) e índice de relação perímetro torácico (1,3) indicam certa aptidão para produção de carne (SAÑUDO, 2009, COSTA JÚNIOR et al. 2006; JARQUIN et al 2019). Na segunda parte da análise utilizou-se uma abordagem multivariada. Análise de componentes principais (ACP) foi realizada com o objetivo de reduzir o número de 46 variáveis em estudo. Das 22 características morfológicas e dos 13 índices morfométricos foram selecionados apenas 13 e 8 variáveis, respectivamente. A adequação da amostra de KMO foi de 0,776 para as características morfológicas, e de 0,609 para os índices morfométricos. A análise discriminante canônica mostra que a primeira variável canônica, o componente cefálico, reteve 68,35% da variância e ao utilizar este componente para agrupar os animais da raça é possível criar dois grupos distintos. Portanto, os animais da raça Morada Nova fenótipo Branco tem características morfológicas que indicam melhor aptidão para a produção de carne. As variáveis relacionadas às medidas cefálicas são as que apresentam o maior poder de diferenciação entre os animais.

Palavras-chave: Capacidade; Morfologia; Variação.



ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA FACILIDADE DE ORDENHA, TEMPERAMENTO E PRODUÇÃO DE LEITE EM BOVINOS GIR LEITEIRO

Samla Marques Freire Cunha^{1*}; Tatiane Cristina Seleguim Chud²; Rui da Silva Verneque³; Flávio Schramm Schenkel²; João Cláudio do Carmo Panetto³; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil. ²Universidade de Guelph, Ontário, Canadá. ³Embrapa - Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil. *samlacunha@gmail.com

A seleção de animais de ordenha mais fácil e menos reativos poderia otimizar o manejo geral, principalmente no momento da ordenha. Nesse trabalho, o objetivo foi estimar parâmetros genéticos para as características facilidade de ordenha (FO), temperamento (TM) e produção de leite até 305 dias (PL305). Os registros fenotípicos foram extraídos do banco de dados do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro e colhidos entre 1992 e 2018. FO e TM foram avaliadas em escores (9 níveis) e PL305 foi medida em kg. Animais com escore 1 (um) são de ordenha fácil e mansos e de escore 9 são de ordenha difícil e muito reativos. Foram utilizados 9.520 e 9.702 registros para FO e TM, respectivamente e 4.441 para PL305. O arquivo de genealogia possuía 18.402 animais de 15 gerações. Análises uni e bi-características foram realizadas para estimar herdabilidade e correlação genética, utilizando a metodologia AIREML e um modelo de repetibilidade. Os efeitos fixos considerados no modelo foram grupo de contemporâneas (rebanho e ano de avaliação/parto), estação de avaliação/parto, regime alimentar e como covariável, a idade da vaca na avaliação/parto (efeitos linear e quadrático). Para FO e TM foi incluído o efeito de avaliador e para PL305 o número de ordenhas/dia. O teste t bicaudal foi realizado para testar se as correlações genéticas foram estatisticamente ($p < 0,05$) diferentes de zero. Estimativas de herdabilidade para FO, TM e PL305 foram 0,15 (0,03), 0,11 (0,03) e 0,16 (0,03), respectivamente. Apenas a correlação genética entre FO e TM ($0,35 \pm 0,06$) foi estatisticamente significativa, indicando que ambas as características são em parte controladas pelos mesmos genes. A existência de associação genética entre FO e TM pode ser explicada devido a ocitocina, hormônio responsável pela liberação do leite, possui sua liberação inibida pelo cortisol (que está presente em maiores quantidades em vacas mais reativas). Consequentemente, vacas mais reativas, que possuem níveis de cortisol mais elevados, vão ser mais difíceis de serem ordenhadas. Apesar das estimativas de herdabilidade serem de baixa magnitude é possível melhorar essas características por meio da seleção. A seleção para FO irá também favorecer a seleção de animais menos reativos.

Palavras-chave: bovinos de leite; comportamento; zebuínos.

Agradecimentos: Capes, FAPESP (proc.2018/23664-5; proc.2019/09736-6), CNPq/INCT – Ciência Animal, ABCGIL, ABCZ e Embrapa.



REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS AO TEMPERAMENTO DE BOVINOS DA RAÇA GIR

Samla Marques Freire Cunha^{1*}; Tatiane Cristina Seleguim Chud²; Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva³; Flávio Schramm Schenkel²; João Cláudio do Carmo Panetto³; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brasil. ² Universidade de Guelph, Ontário, Canadá. ³Embrapa - Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil. *samlacunha@gmail.com

Animais menos reativos se adaptam mais facilmente a ordenha, liberam menos cortisol durante o manejo e são menos propensos a desenvolverem doenças, o que justifica a importância da característica de temperamento (TM) no sistema de produção. Nesse trabalho, o objetivo foi identificar QTL e genes candidatos relacionados ao TM em bovinos Gir Leiteiro. Os registros fenotípicos (9.072) e genotípicos (em alta densidade e imputados para alta densidade) foram disponibilizados pela Embrapa Gado de Leite e foram colhidos entre 1992 e 2018. Após o controle de qualidade, restaram 409.488 SNP e 2.729 animais. O arquivo de genealogia possuía 18.402 animais de 15 gerações. O estudo de associação genômica de passo único ponderado foi realizado utilizando janelas deslizantes de 20 SNP adjacentes. A ponderação dos SNP foi realizada em 2 iterações. Janelas que explicassem mais que 1% da variância genética aditiva foram selecionadas para a anotação dos QTL e genes, utilizando as montagens de referência do genoma bovino UMD3.1 e ARS-UCD1.2, respectivamente. A lista de genes candidatos foi utilizada para identificar termos funcionais (Gene Ontology, MeSH) e vias metabólicas (KEGG e WikiPathways). Três janelas explicaram 1,86%; 1,61% e 2,40% da variância genética aditiva no BTA4, BTA18 e BTA29, respectivamente. Dois genes foram identificados nas janelas, o gene Transcription Factor EC (*TFEC*) no BTA4 e o gene Cadherin 11 (*CDH11*) no BTA18. Segundo a literatura, o *TFEC* foi associado a comportamentos de risco de vida em humanos e o *CDH11* ao autismo em ratos e ao transtorno bipolar em humanos. O *knockout* desse gene em ratos levou a hiperatividade, aumento do comportamento repetitivo e reduziu sociabilidade dos animais. Entre os termos identificados, a resposta ao estímulo abiótico, define basicamente como a característica é avaliada, em que o comportamento das vacas diante de novos estímulos (ordenha) é observado e escores são atribuídos, principalmente na primeira lactação. Entre os QTL identificados, a kappa-caseína e porcentagem de kappa-caseína glicosilada no leite podem estar associados ao TM, visto que vacas mais reativas possuem maiores níveis de cortisol na corrente sanguínea e o cortisol pode alterar os níveis de proteínas no leite. Os resultados encontrados são importantes no melhor entendimento da estrutura genética do TM, assim como podem auxiliar na seleção da raça Gir.

Palavras-chave: bovinos de leite; WssGWAS; zebuíno.

Agradecimentos: Capes, FAPESP (proc.2018/23664-5; proc.2019/09736-6), CNPq/INCT – Ciência Animal, ABCGIL, ABCZ e Embrapa.



IDENTIFICAÇÃO GENÉTICA DE HÍBRIDOS DE PINADO REAL EM PISCICULTURA BRASILEIRA

Lilian Cristina Milani¹; Fernanda Dotti do Prado¹; Fábio Porto-Foresti¹;

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP) Campus Bauru. *lilian.cmilani@gmail.com

A aquicultura brasileira cresceu fortemente nos últimos anos, constituindo um setor de atividade em rápido crescimento em termos de produção de alimentos e novas oportunidades de emprego. Este setor apresenta alta produção de pescado, com aproximadamente 54,1 milhões de toneladas por ano. Uma prática que se tornou muito comum na grande maioria das pisciculturas do país, é a produção de híbridos interespecíficos por meio de cruzamentos hormonais induzidos entre diferentes espécies parentais, com o objetivo de obter indivíduos com características morfológicas distintas ou características vantajosas como altas taxas de crescimento. O híbrido popularmente denominado "pintado real" é um peixe produzido em várias pisciculturas brasileiras. Este peixe é provavelmente produzido através de cruzamentos envolvendo três espécies distintas: os bagres Jandiá (*Leiarius marmoratus*), Pintado (*Pseudoplatystoma corruscans*) e Cachara (*Pseudoplatystoma reticulatum*) (Pimelodidae, Siluriformes), porém, não há informações precisas sobre a composição genética destes peixes. O presente trabalho teve como objetivo identificar geneticamente um estoque de 30 peixes comercializados como "pintado real" em uma piscicultura brasileira na região de Minas Gerais. Duas reações de PCR Multiplex (reação em cadeia da polimerase) foram realizadas utilizando os marcadores nucleares RAGII e Globina, e o marcador mitocondrial 16S. Todos os produtos de PCR foram visualizados em gel de agarose a 2% e corados com 1,5 µl de Gel Red. Os resultados do marcador mitocondrial mostraram Cachara como o parental materno para todos os indivíduos. Ao analisar marcadores nucleares, 25 indivíduos apresentaram bandas heterozigóticas de Cachara e Jandiá para um marcador nuclear e bandas heterozigotas de Cachara e Pintado para os demais marcadores nucleares. Esses indivíduos, com bandas de três espécies diferentes, são provavelmente resultantes de cruzamentos entre o híbrido Cachapinta (Cachara x Pintado) e Jandiá. Para 3 indivíduos, as bandas eram heterozigotas de Cachara e Jandia, indicando um provável híbrido F1. Um indivíduo mostrou um padrão de banda de um híbrido de Pintado e Jandiá e um último indivíduo mostrou bandas de cruzamentos entre Pintado e Cachara. Esses resultados indicam uma elevada mistura e variação genética entre o estoque de peixes comercializados como pintado real e permitem inferir que a maior parte do lote analisado está de acordo com os dados apresentados na nota fiscal (todos híbridos), mas ainda com irregularidades. Isso mostra mais uma vez a importância das análises genéticas como recurso relacionadas a este tipo de comércio e produção.

Palavras-chave: Marcadores moleculares; Monitoramento; Híbridos.

Agradecimentos: CNPq.



DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MOLECULARES DO TIPO MICROSSATÉLITES (SSRs) A PARTIR DO GENOMA DE *Bos taurus*

Carmen Catarina Brostolin Ribeiro^{1*}; Juliana Morini Küpper Cardoso Perseguini¹; Marcelo Marcos Montagner¹; Emanoele Cristina Weiss¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos.

*carmen.brostolin@gmail.com

A bovinocultura de corte faz uso dos marcadores moleculares para verificar a localização dos genes para a qualidade de carne, aspectos reprodutivos e resistência a doenças. Existem inúmeros genes que são apontados por apresentarem essas características de interesse econômico e zootécnico. O estudo teve o intuito de pesquisar a partir da sequência genômica de *Bos taurus*, a presença dos polimorfismos dos genes para a qualidade de carne no composto Marchangus (½ Marchigiana e ½ Aberdeen Angus). Com este propósito, objetivou-se identificar e desenvolver marcadores microsatélites (SSRs) para genes relacionados a produção e qualidade de carne do composto Marchangus. Para o desenvolvimento dos oligonucleotídeos foi utilizada as sequências genômicas de *Bos taurus* para os genes relacionados a qualidade de carne (DGAT1, CAPN1, CAST, TG, PRLR, CAPN2, CAPN3) disponíveis no banco de dados de *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). A identificação e localização dos SSRs e o desenho dos iniciadores, foi realizada com a utilização software Krait (<https://github.com/lmdu/krait>), com base no download das sequências no formato FASTA. A validação dos primers foi realizada de forma virtual com a utilização do programa SMS - *PCR Primer Stats*, para confirmar a ausência de *hairpins* e dímeros. O BLASTn foi utilizado para verificar o alinhamento, e o programa SMS PCR Products, que procura locais de anelamento perfeito. Após, pesquisa através da bioinformática, os *primers* foram testados no laboratório. Os resultados obtidos quanto ao número de marcadores microsatélites (SSRs) para cada gene: DAGT1 (2), CAPN1 (4), CAST (47), TG (65), PRLR (54), CAPN2 (14) e CAPN3 (8). Com base nos SSRs obtidos foi realizado o designer dos *primers*: DAGT1 (1), CAPN1 (4), CAST (24), TG (40), PRLR (27), CAPN2 (5) e CAPN3 (8). Após a validação virtual, os resultados dos *primers* foram os seguintes: CAPN1 (1), CAST (4) e PRLR (1). Os demais iniciadores não demonstraram os padrões adequados para a realização da genotipagem. Portanto, pode-se concluir pelos testes realizados, que a partir da bioinformática é possível desenvolver primers específicos e eficientes, tanto com PCR virtual, como pela PCR convencional. O estudo dos polimorfismos por técnicas moleculares para genes candidatos, permitirá o melhoramento da característica de interesse zootécnico.

Palavras-chave: Bovinos; bioinformática; genes.

Agradecimentos: A Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Campus Dois Vizinhos (UTFPR-DV) e a Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa.



PROGRAMA DE CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE PEIXES NATIVOS DE INTERESSE ECONÔMICO DA EMBRAPA

Luciana C. V. Villela¹; Luciana N. Ganeco-Kirschnik¹; Eduardo S. Varela¹; Eric A. B. Routledge¹; Fabrício P. Rezende¹; Lucas S. Torati¹; Luciana Shiotsuki¹; Luiz E. L. Freitas¹

¹Embrapa Pesca e Aquicultura. *E-mail do autor apresentador: luciana.villela@embrapa.br

A busca mundial por proteína animal de alta qualidade cresce anualmente e a aquicultura é um setor da agropecuária que contribui para suprir essa demanda. Para isso, os recursos genéticos aquáticos (RGA) precisam ser geridos e utilizados de maneira econômica, social e ambientalmente responsável e sustentável, garantindo sua viabilidade no futuro e efetiva aplicação em programas de conservação, melhoramento, reposição de estoques cultivados e repovoamento de ambientes naturais impactados. Para gestão eficaz dos RGA, alguns desafios precisam ser superados: deficiência do processo de domesticação das espécies; baixo número efetivo de matrizes em sistemas de produção; redução das populações naturais no ambiente, ameaçando a diversidade dos RGA na natureza e em criatórios. Neste sentido, por meio do Sistema de Curadoria de Germoplasma da Embrapa, a Embrapa Pesca e Aquicultura mantém em Palmas/TO, desde 2012, um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) cujo objetivo é conservar (*in situ* e *ex situ*) espécies de peixes nativos de importância estratégica e econômica para o Brasil. O BAG possui 2 Núcleos de Conservação (NC): Tambaqui (*Colossoma macropomum*, 200 indivíduos adultos, sendo 100 machos/100 fêmeas) e Pirarucu (*Arapaima gigas*, 50 adultos, 25 machos/25 fêmeas), e 1 Coleção Biológica: Caranha/Pirapitinga (*Piaractus brachipomus*, 63 adultos, 30 machos/33 fêmeas). Alguns exemplares são mantidos em pisciculturas parceiras (Núcleos Satélites). Atividades de manutenção, caracterização fenotípica, enriquecimento e intercâmbio de germoplasma são periodicamente realizadas no BAG, além da criopreservação de sêmen de tambaqui e caranha. DNA e tecidos dessas espécies são conservados no Banco Genético para caracterização (estrutura/diversidade genética, identificação de introgressão gênica, relações de parentesco/paternidade) e para uso futuro. As informações coletadas no BAG são registradas no Sistema Alelo, o que permite catalogar e conhecer esses RGA. Com essas ações, a Embrapa contribuirá para a preservação e manutenção da variabilidade genética desses peixes nativos. O NC de tambaqui tem grande potencial para impactar o setor produtivo, por meio do fornecimento de famílias com distâncias genéticas para multiplicadores que desejam iniciar o negócio, ou implementar seus plantéis com anos de produção sem controle genético. À médio e longo prazos, fornecimento de famílias com grande velocidade de crescimento e possibilidade de selecionar linhagens específicas para características de alto valor econômico, como resistência a doenças.

Palavras-chave: peixes, *in-situ*; *ex-situ*

Agradecimentos: FINEP, BNDES, MAPA e Embrapa



DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES ESPECÍFICOS PARA IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS COM A PRODUÇÃO EM BUBALINOS

Emanoele Cristina Weiss^{1*}; Emylin Midori Maeda¹; Juliana Morini Küpper
Cardoso Perseguini¹; Carmen Catarina Brostolin Ribeiro¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos.
*weissemanoele@gmail.com

Os búfalos possuem algumas características que se destacam dos demais bovídeos e precisam ser exploradas. A carne de búfalo possui 40% menos colesterol, 12 vezes menos gordura, 55% de calorias, 11% a mais de proteínas e 10% mais minerais se comparada com a carne bovina, e o leite, que possui 4% de proteínas, 8% de lipídios, 4,9% de lactose, 82% de água e 214mg% de colesterol total, com rendimento superior nas indústrias de laticínios. Diante do exposto o presente estudo teve como objetivo identificar e desenvolver marcadores moleculares específicos para genes candidatos que estão relacionados com características de produção em búfalos das raças: Murrah e Mediterrâneo. Para desenvolvimento dos iniciadores foi utilizada a sequência pública do genoma de *Bubalus bubalis* (UOA_WB_1) disponível no banco de dados da *National Center for Biotechnology Information (NCBI)*. Para o designer dos primers foram selecionados dez genes, sendo cinco para características relacionadas com a produção de leite (CSN1S1; CSN1S2; CSN2; CSN3; LALBA) e cinco para carne (FABP4; LPL; SDC; PPARG; DGAT1). O *download* das sequências de cada gene no formato FASTA do banco de dados Gene do NCBI foi realizado, posteriormente as sequências foram importadas para o programa *Primer Blast*, onde foi realizado o designer dos primers específicos para identificar os genes candidatos de *B. bubalis*. A validação dos primers de forma virtual foi realizada pelo programa *SMS PCR Products* e o alinhamento foi feito pelos programas *BLASTn* e *ClustalW*. Para verificar se os oligonucleotídeos não possuem “hairpins” foi utilizado o programa *OligoAnalyzer*. Após análises de bioinformática os *primers* foram testados em laboratório. Como resultado obtido foram desenvolvidos 100 *primers*, destes apenas 41 passaram em todos os testes e estão aptos para serem sintetizados. O número de *primers* para cada gene é de: CSN1S1 (7); CSN1S2 (7); CSN2 (4); CSN3(5); LALBA (4); FABP4 (3); LPL (3); PPARG (4); SDC (2); DGAT (2). Os demais *primers* não se mostraram eficientes, sendo que não apresentaram padrões adequados para realização da genotipagem. Com o presente estudo foi possível encontrar uma ferramenta eficiente para o desenvolver *primers* específicos, os primers se mostraram eficientes tanto na PCR virtual quanto na PCR em laboratório. Este estudo é a base para futuros estudos genéticos com bubalinos.

Palavras-chave: Búfalos; economia; bioinformática.

Agradecimentos: A Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos (UTFPR-DV) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa com N° de processo (88882.432160/2019-01).



ESTIMATIVA DE OPORTUNIDADES DE SELEÇÃO PARA RESISTÊNCIA A VERMINOSES EM OVINOS

Leonardo Sartori Menegatto¹; Luara Afonso de Freitas¹; Ricardo Dutra do Bem²; Luiza Vage Coelho Sartori²; Nedenia Bonvino Stafuzza²; Claudia Cristina Paro de Paz^{1,2}

¹Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

² Instituto de Zootecnia, Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Sertãozinho, SP, Brasil.

*leonardomenegatto@gmail.com

Uma aferição clássica de recursos genéticos disponíveis em um rebanho de animais está centrada na oportunidade de seleção, apresentando relação com a variância fenotípica e a herdabilidade da população. Na ovinocultura, um problema recorrente é a infestação por endoparasitas, notoriamente *Haemonchus contortus* Rudolf (1803), uma espécie hematófaga causadora de anemia. A variação ambiental entre propriedades rurais, seja pelo número total de parasitas, seja pela proporção de *H. contortus*, resulta em diferenças nas análises de agrupamento e na herdabilidade, podendo comprometer a oportunidade de seleção. Objetivou-se analisar se diferentes níveis de desafio modificam a oportunidade de seleção em ovinos Santa Inês para resistência às verminoses. Foram analisados ovos por grama de fezes (OPG) e volume globular (VG) de 726 animais oriundos de quatro localidades, estimando-se por microscopia óptica a proporção de ovos de *H. contortus*. Os animais foram divididos em resistentes e não resistentes a partir de agrupamentos ao acaso com 1.000 permutações de dados de OPG total por local. Posteriormente, houve separação dos não resistentes em susceptíveis (com detecção de anemia) e tolerantes (sem tal detecção) a partir do valor comumente utilizado de 0,22 de VG. Todas as comparações foram realizadas no programa R, com teste de Tukey a 5% de significância. Houve diferença de OPG total entre os locais, com três apresentando mais de 80% de contagens em relação ao local menos desafiador, embora sem distinção na proporção da espécie mencionada, correspondendo a 71,98% dos ovos totais, bem como na herdabilidade estimada. Os resultados médios de VG diferiram igualmente a OPG total, corroborando a relação com anemia, com média de 0,34 para o ambiente com menor infestação e 0,27 para os demais combinados. Não foi detectada diferença entre os agrupamentos, com média geral de 67,2% dos animais resistentes, 29,5% tolerantes e 3,3% susceptíveis. Conclui-se que a estimativa básica de oportunidade de seleção para resistência e tolerância a endoparasitas em ovinos pode ser empregada com abordagem similar entre diferentes níveis de infestação, ao menos em rebanhos cuja anemia média é considerada dentro do padrão esperado, como os observados para as populações em estudo.

Palavras-chave: Ovos por grama de fezes, Volume globular, Análise de agrupamento

Agradecimentos: FAPESP (Processo 2016/14522-7) e CAPES



SELEÇÃO CONJUNTA PARA PRODUÇÃO DE LEITE E TERMOTOLERÂNCIA EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA

Renata Negri^{1*}; Jaime Araújo Cobuci¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. *E-mail: rn.negri@yahoo.com

Os programas de melhoramento têm tradicionalmente focado na seleção intensa para produção de leite. Essa seleção desencadeou maior sensibilidade às mudanças ambientais nos animais, e hoje, o estresse térmico é um problema caro na pecuária leiteira mundial. A seleção de animais termotolerantes é uma possível estratégia para reduzir os efeitos do estresse térmico. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi identificar o melhor modelo para caracterizar a sensibilidade ambiental em bovinos da raça Holandesa, usando registros de produção de leite no dia do controle em combinação com o índice de temperatura e umidade (ITU), para identificar touros geneticamente superiores para tolerância ao calor (TOL) e maior produção de leite. Foram utilizados 94.549 registros da produção de leite no dia do controle (PLC) de 11.294 vacas da raça Holandesa, primíparas, coletados de 1997 a 2013, em Minas Gerais, Brasil. As produções foram ajustadas via polinômios ortogonais de Legendre, linear Splines e função de Wilmink. O ITU (média de dois dias antes do controle leiteiro) foi utilizado como gradiente ambiental. Realizou-se a avaliação genética utilizando o método da máxima verossimilhança restrita via modelos de regressão aleatória. O modelo animal que ajustou as produções via Legendre de ordem quártica para dias em lactação e quadrática para ITU, considerando como efeitos fixos o grupo de contemporâneo (rebanho-ano-mês de controle), frequência de ordenha e a amplitude térmica, apresentou melhor qualidade de ajuste (conforme os critérios AIC e BIC). A herdabilidade para PLC é maior quando a população está em homeostase. O coeficiente da correlação de Spearman de maior impacto foi de 0,54 entre os touros Top 1% para PLC e Top 1% para TOL. Ou seja, os melhores touros para PLC não são os melhores touros para TOL, pois há uma expressiva reclassificação entre os 1% dos melhores touros para cada característica. Fica evidente o resultado da intensa seleção para PLC e comprometimento da termotolerância animal. Conforme a análise da norma de reação, uma pequena proporção dos touros (9%) apresenta plasticidade e aptidão para seleção conjunta, sendo que a formação de linhagem termotolerantes é tida como a opção mais atrativa quando comparada a elaboração de índices de seleção. Assim, apesar da pequena fração populacional permitir a seleção conjunta, constatamos a existência de variabilidade genética suficiente para selecionar touros mais resilientes, promovendo ganhos genéticos concomitantes em produção de leite e em termotolerância.

Palavras-chave: interação genótipo-ambiente; norma de reação; regressão aleatória

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão das bolsas e auxílio financeiro (Edital nº 28/2018) e a CAPES (Financiamento 001).



INCLUSÃO DE INDICADORES DE ESTRESSE TÉRMICO NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS GIROLANDO

Renata Negri^{1*}; Maíza Scheleski da Rosa¹; Jaime Araújo Cobuci¹

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. *E-mail: rn.negri@yahoo.com

Em regiões com predomínio de clima tropical, como o Brasil, as altas temperaturas associadas à umidade inadequada, causam prejuízos econômicos na bovinocultura de leite devido às alterações fisiológicas dos animais, sendo que esses não foram selecionados para suportar as constantes mudanças climáticas. Assim, o objetivo do trabalho foi investigar a correção dos fenótipos para o estresse térmico via índice de temperatura-umidade (ITU) nas avaliações genéticas para produção de leite no dia do controle em bovinos da raça Girolando. Foram utilizados 44.084 registros da produção de leite no dia do controle (PLC) de 6.953 vacas, primíparas, coletados de 2001 a 2015. As produções foram ajustadas via polinômios ortogonais de Legendre. O limiar do estresse térmico foi determinado por meio de regressão linear de mínimos quadrados. Após essa etapa, procedeu-se a avaliação genética utilizando o método da máxima verossimilhança restrita via modelos de regressão aleatória. Além do modelo animal padrão (MAP, sem variáveis bioclimáticas), o indicador de estresse térmico (ITU em diferentes dias de coleta) foi testado como efeito fixo ou aleatório. Foi possível identificar o limiar apenas para os grupos genéticos: 3/8 Holandês (ITU = 82) e 5/8 Holandês (ITU = 80), pois não há um limiar que represente a raça. As perdas na produção de leite para estes dois grupos foram de -0,090 kg/dia/ITU e -0,130 kg/dia/ITU, respectivamente. A identificação do limiar para o grupo 5/8 Holandês é de extrema importância, pois esse grupo é base para formação do puro sintético e há grande interesse pelos produtores neste grupo de animais. Para os demais grupos, as perdas estimadas não foram significativas. O modelo que incluiu o ITU como efeito fixo, considerando as informações de dois dias antes do controle leiteiro, além do grupo de contemporâneo (rebanho-ano-mês de controle), grupo genético e a frequência de ordenha, apresentou melhor qualidade de ajuste (conforme critérios $-2\log L$ e variância residual). Quando comparados os modelos (MAP e o modelo de melhor ajuste que considera o ITU), o coeficiente da correlação de Spearman foi de 0,56 para os 1% dos touros com melhor valor genético para PLC. Portanto, os altos valores de ITU geram perdas na produção de leite. Além disso verificamos que a correção dos fenótipos para os indicadores de estresse térmico melhora a predição dos valores genéticos e que há um forte reordenamento na classificação dos touros, demonstrando a necessidade de incluir o ITU nas avaliações genéticas da raça.

Palavras-chave: índice de temperatura e umidade; interação genótipo-ambiente; regressão aleatória

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão das bolsas e auxílio financeiro (Edital nº 28/2018) e a CAPES (Financiamento 001).



DIVERSIDADE GENÉTICA E ANÁLISE DE PARENTESCO EM UMA ESPÉCIE COM RISCO DE EXTINÇÃO NO RIO IGUAÇU

Caio Felipe da Silva¹; Yasmin Garcia¹; Fernanda Dotti do Prado³; Fábio Porto-Foresti¹

¹Faculdade de Ciências, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Bauru, SP, Brasil.
*caio_nardo@hotmail.com

Steindachneridion melanodermatum (surubim-do-Iguaçu) é uma espécie de surubim migrador de longas distâncias e endêmica do rio Iguaçu (Bacia do Paraná). Essa espécie é de grande importância econômica, principalmente no que se diz respeito a pesca comercial devido a qualidade da sua carne, grande potencial de produção e alto valor de mercado, sendo a sobrepesca e as construções de barramentos ao longo do rio Iguaçu os principais responsáveis pelo seu atual estado de risco de extinção. Este trabalho teve por objetivo analisar a diversidade genética e o grau de parentesco de indivíduos de *S. melanodermatum* através de marcadores microssatélites. Foram coletados 24 indivíduos a jusante de uma cascata de barramentos na região do baixo rio Iguaçu e, posteriormente, foi feita a extração de DNA por meio do uso de kit comercial. Foram amplificados via PCR (*Polymerase Chain Reaction*) quatro loci previamente descritos na literatura para *Pseudoplatystoma reticulatum*: *Prt03*, *Prt11*, *Prt25* e *Prt30*. O Conteúdo da Informação Polimórfica (PIC) provou ser altamente informativo ($> 0,5$) para os quatro loci utilizados. O valor médio de alelo por locus foi de 8,75, variando de 5 (*Prt11*) a 15 (*Prt30*). A heterozigosidade esperada média foi de 0.745 e variou de 0,639 (*Prt11*) a 0,876 (*Prt30*), sem desvios significativos do equilíbrio de Hardy-Weinberg. Através dos resultados obtidos, foi possível observar que a espécie estudada possui alta variabilidade genética considerando os valores usualmente observados para peixes migradores de águas continentais e provavelmente ainda não sofreu impactos genéticos populacionais. A análise de parentesco aos pares permitiu inferir que o estoque apresentou baixo índice de indivíduos totalmente aparentados e elevado índice de indivíduos sem nenhum grau de parentesco, sendo que 67,17% dos indivíduos foram classificados como “não-irmãos”, 19% como “meio-irmãos” e 13,83% como “irmãos-completos”. Apesar dos resultados apresentados indicarem alta variabilidade genética e baixo grau de parentesco, novos estudos devem ser realizados com um maior número amostral e em diversas localidades ao longo do rio Iguaçu, uma vez que os trabalhos acerca das características genéticas e das dinâmicas populacionais de *S. melanodermatum* são muito escassos na literatura, o que evidenciava uma maior necessidade do conhecimento da composição genética de suas populações naturais e de cultivo para o monitoramento e manejo da ictiofauna.

Palavras-chave: conservação genética, marcadores moleculares, microssatélites

Agradecimentos: CTG Brasil, CAPES, CNPQ e FAPESP



ACERVO DE ABELHAS DA COLEÇÃO ENTOMOLÓGICA DA EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL

Márcia M. Maués^{1*}; Thaline de F. Brito²; Ruth Hellen S. dos Santos³; Ágata Boíba dos Reis⁴; Caio L. da Silva⁵; Taylo Hugson C. da Silva⁵

¹Embrapa Amazônia Oriental; ²Universidade Federal do Pará; ³Universidade Federal Rural da Amazônia; ⁴UNINASSAU; ⁵Universidade do Estado do Pará *E-mail do autor apresentador: marcia.maués@embrapa.br

A preservação e o enriquecimento das coleções zoológicas têm muita relevância para as atividades atuais e contribuições futuras da Embrapa, pois são repositórios da biodiversidade local e podem subsidiar a adoção de manejo eficientes de insetos benéficos ou medidas de prevenção e controle dos insetos daninhos nos agroecossistemas. A Coleção Entomológica da Embrapa Amazônia Oriental (CPATU-Entomologia) reúne um acervo aproximadamente 55 mil insetos, dos quais 19.406 exemplares são abelhas pertencentes a cinco famílias (Andrenidae, Apidae, Colletidae, Halictidae e Megachilidae), 53 gêneros, 154 espécies e cerca de 70 morfoespécies. Todos os exemplares são mantidos à seco, em gavetas entomológicas, etiquetados e identificados ao nível taxonômico mais preciso possível, com apoio de especialistas e/ou chaves de identificação. Esses espécimes são resultado de projetos de pesquisas realizados no estado do Pará (90,41% do total de exemplares), e em outros estados brasileiros (Amapá, Amazonas e Maranhão), e foram recentemente incorporados à base de dados do CRIA (Centro de Referência em Informação Ambiental), como parte da Rede *SpeciesLink*. Considerando as mesorregiões do Pará, há coletas em quase todas, à exceção do Marajó, com maior concentração de registros no nordeste paraense (37,43% do total), região metropolitana de Belém (25,69%) e sudeste paraense (20,11%). Com pouco mais de 17 mil exemplares, a família Apidae é a melhor representada, com 144 espécies e 54 morfoespécies. As demais famílias são representadas da seguinte forma: Andrenidae (1 espécie), Colletidae (2 morfoespécies), Halictidae (5 espécies e 22 morfoespécies) e Megachilidae (1 morfoespécie). O grupo mais abundante é o das abelhas-das-orquídeas (Apidae, Apinae, Euglossini) destacando-se as espécies *Eulaema nigrita* (2.376 espécimes) e *Eulaema meriana* (1.968 espécimes), seguidas por *Euglossa imperialis*, *E. mixta*, *E. modestior*, *E. townsendi*, *E. variabilis*, *Eulaema bombiformis* e *E. pseudocingulata* (variando entre 300-600 espécimes). Uma particularidade desta coleção diz respeito a que grande parte do acervo foi coletado em interação com uma espécie vegetal de importância econômica, seja um cultivo agrícola ou uma essência florestal, à parte os euglossíneos, coletados com iscas aromáticas, mostrando sua importância estratégica no subsídio a projetos sobre interações inseto-plantas da Amazônia Brasileira, apoio à segurança agroalimentar, e valorização dos serviços ambientais ofertados pelos polinizadores.

Palavras-chave: Apoidea; Insetos; Euglossini.

Agradecimentos: Embrapa (SEG 11.15.02.003.07.00); CNPq (Processo 400580/2018-7).



DIVERSIDADE GENÉTICA DE GALINHAS COMERCIAIS E NATIVAS GENOTIPADAS COM CHIP DE ALTA DENSIDADE

Paulo Barros de Abreu Junior^{1*}; Jéssica Xavier Silva¹; André Campêlo Araujo¹; Mônica Corrêa Ledur²; Samuel Rezende Paiva³; Luiz Fernando Brito⁴; Adriana Mércia Guaratini Ibelli²; Paulo Luiz Souza Carneiro¹

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia; ²Embrapa Suínos e Aves; ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ⁴Purdue University. *pbarrosbio@gmail.com

A manutenção dos níveis de diversidade nas populações é um constante desafio na indústria avícola, tanto nos materiais comerciais que são submetidos a alta intensidade de seleção, quanto nas nativas ou localmente adaptadas que podem até correr risco de extinção. Assim, objetivou-se avaliar os níveis de diversidade de populações de galinhas comerciais e nativas, com base em marcadores moleculares SNPs. Foram avaliados indivíduos de cinco populações de galinhas, sendo quatro comerciais e uma nativa, genotipados com o *chip* 600K Affymetrix® Axiom® HD (580.954 SNPs). Os genótipos das linhagens comerciais de poedeiras de ovos brancos (WEL, n = 46) e de ovos marrons (BEL, n = 52), bem como as linhagens de frangos de corte (BRO, n = 123) e de frangos de corte chineses de pena amarela (Chinesa, n = 441) foram obtidos em plataforma de domínio público dos trabalhos de Kranis et al. (2013) e Ye et al. (2019), respectivamente. Os genótipos de linhagens nativas nigerianas (Nigéria, n = 49) foram obtidos do norte e sul da Nigéria e cedidos pela Embrapa Suínos e Aves, em Concórdia-SC. O controle de qualidade (CQ) foi realizado no PLINK v.1.9 e marcadores com valores de *MAF* < 0.05, *call rate* < 95%, valor de p do equilíbrio de Hardy-Weinberg < 1.0e-6e; o *pruning* de SNPs com valores de LD > 0.9 em janelas de 50 SNPs e *gap* de 5 SNPs também foi realizado. As análises de diversidade foram realizadas também no PLINK v.1.9 com base no número total de marcadores após CQ e *pruning* em cada população, sendo, Nigéria (356.700 SNPs), BEL (204.696 SNPs), BRO (257.758 SNPs), WEL (47.616 SNPs) e Chinesa (213.152 SNPs). O percentual de SNPs polimórficos para BEL, BRO, Chinesa, Nigéria e WEL foram, respectivamente, 85,22%, 85,25%, 74,87%, 84,25% e 85,10%. A *MAF* dos SNPs polimórficos para BEL, BRO, Chinesa, Nigéria e WEL foram, respectivamente, 0.27, 0.26, 0.25, 0.22 e 0.23. Valores de heterozigosidade observada para BEL, BRO, Chinesa, Nigéria e WEL foram, respectivamente, 0.30, 0.32, 0.37, 0.33 e 0.25 e para heterozigosidade esperada foram, respectivamente, 0.36, 0.35, 0.37, 0.34 e 0.33. A maior diversidade observada na população comercial chinesa é um reflexo da aplicação correta dos métodos de seleção nos plantéis. Observa-se uma pequena, porém importante, redução na diversidade das demais populações avaliadas, sendo crucial o seu monitoramento, principalmente das raças nativas.

Palavra-Chave: Raças Nativas; Conservação de Recursos Genéticos; Marcadores.

Agradecimentos: À Capes, ao CNPq e à Embrapa.



Recursos Genéticos Microbianos

1- Coleta



THE COLLECTION OF MICROORGANISMS OF THE NATIONAL CENTER FOR GENETIC RESOURCES (CM-CNRG)

Ramón Ignacio Arteaga-Garibay¹, Lily Xochilt Zelaya-Molina¹, Ismael Fernando Chávez-Díaz¹ ¹Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP.
arteaga.ramon@inifap.gob.mx

The microorganisms used in the different human activities and as part of the food security generate the need to create microbial germplasm banks; under this notion, the Collection of Microorganisms of the National Center of Genetic Resources of INIFAP (CM-CNRG) was created with the purpose of conserving the microbial genetic resources of agri-food importance in Mexico. The CM-CNRG is registered at the World Federation of Culture Collection (No. 1006) and the Latin American Federation of Culture Collections (No. SI-56); likewise, it is recognized by the WIPO as the first International Depository Authority (AID) in Mexico, for patent applications for inventions related to biological material. For the entry and deposit of microorganisms, there are procedures and databases in the core collection and the active collection for the management, distribution, verification (viability, purity and identity) of public accessions and reference strains. All this is carried out in accordance with the documentation required for the admission of accessions to the CM-CNRG, among which are the agreements between the depository and the collection, material transfer agreements, deposit cards, availability in the public catalog and procedure manuals for the reception, evaluation, entry and handling of each type of accession. The conservation of the accessions is carried out by long-term "in vitro" methods by lyophilization, deep-freezing at -80 ° C and -196 ° C in liquid nitrogen; and various medium-term conservation protocols. Currently, the CM-CNRG has 1650 accessions, which include bacteria, cyanobacteria, actinomycetes, fungi and yeasts. Furthermore, the infrastructure of the CM-CNRG makes it possible to offer various services related to the protection of microorganisms, for public, restricted and under the Budapest treaty. At present, work is being done on the creation of the collection catalog and on the implementation of some novel methods for the characterization and identification of microorganisms, such as identification based on mass spectrophotometry, massive sequencing for the analysis of microbial communities, analysis of viability by flow cytometry, identification and genetic typing, among others. In this way, the CM-CNRG is a fundamental part of the conservation of microbial resources in Mexico.

Keywords: Microbial collection, CM-CNRG, preservation.



Recursos Genéticos Microbianos

2- Caracterização



CARACTERIZAÇÃO DE FUNGOS ANTÁRTICOS DE ORIGEM MARINHA QUANTO À TEMPERATURA DE CRESCIMENTO

THAÍS T. YOSHINAGA^{1*}; LARA D. SETTE¹.

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Instituto de Biociências de Rio Claro, Laboratório de Micologia Ambiental e Industrial (LAMAI), Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Microbiologia Aplicada). *tt.yoshinaga@unesp.br

A Antártica é considerada o ambiente dos extremos, por apresentar temperaturas críticas, baixa disponibilidade de nutrientes, alta radiação UV, entre outros fatores. Microrganismos que habitam os ambientes marinhos e terrestres da Antártica podem possuir adaptações que conferem aos mesmos propriedades diferenciais para aplicação biotecnológica. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo determinar a temperatura ótima de crescimento de 17 fungos filamentosos isolados seletivamente a partir de amostras de sedimento marinho (coletadas na OPERANTAR XXVII 2018) em três diferentes meios de cultura: ágar malte (MA), ágar batata dextrose (BDA), e ágar batata sacarose (BSA). A partir de uma suspensão de esporos (1×10^6 esporos/mL) de cada fungo, 10 µL foram inoculados no centro de uma placa de Petri contendo os meios acima citados e incubados por 7 dias a 15, 20, 25 e 30°C. Após a incubação, o crescimento da colônia foi documentado fotograficamente e a área de crescimento foi determinada (ImageJ). Os valores de área foram então submetidos a testes estatísticos (ANOVA, Duncan, Tukey) no XLSTAT para determinar qual a melhor temperatura e meio de cultivo para cada fungo. Dos 17 fungos filamentosos avaliados, um isolado (5%) cresceu em toda a placa, em todos os meios e temperaturas, 64% apresentou melhor crescimento em meio MA, enquanto 29% cresceu melhor em BSA. A temperatura de crescimento mais frequente foi a de 20°C para 47% dos isolados (8), enquanto para 18% dos fungos (3) as melhores temperaturas foram 25°C e 30°C. Um total de 2 isolados (12%) cresceu melhor a 15°C, e estes foram classificados como psicrófilos por não apresentarem crescimento a 25°C e 30°C. Dentre os 8 isolados que apresentaram melhor crescimento a 20°C, 4 foram considerados psicrotróficos, pois não cresceram a 30°C. Os resultados do presente trabalho são relevantes para os estudos com fungos de origem antártica e agregam valor aos dados referentes ao acervo de pesquisa do LAMAI associado à Central de Recursos Microbianos da UNESP (CRM-UNESP). Este acervo vem sendo utilizado para prospecção de diferentes enzimas adaptadas ao frio, as quais podem apresentar atividade até dez vezes superior em temperaturas baixas e moderadas (entre 25 e 40 °C) em comparação com as suas homólogas mesófilas. A aplicação de fungos adaptados ao frio e/ou suas enzimas em processos degradativos é foco de estudo do nosso grupo de pesquisa.

Palavras-chave: Coleção de Culturas Microbianas; Fungos Antárticos; Fungos Marinhos;

Apoio: Fapesp (Projeto 2018/12098-9) e CNPq (130461/2019-9).



COMPARAÇÃO BIOLÓGICA DO MUTANTE *X. citri amy::pPM2a-zapA* COM *Xanthomonas citri* ssp. *citri* ISOLADO DO CAMPO

Guilherme Dilarri¹; Henrique Ferreira¹

¹Departamento de Bioquímica e Microbiologia, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Rio Claro-SP. *E-mail do autor apresentador: dilarri@hotmail.com

A citricultura é um dos principais setores agrícolas do Brasil, que é o maior exportador de suco de laranja concentrado. O gênero *Xanthomonas* é conhecido por ser um fitopatógeno de diversas variedades de Angiospermas. A bactéria Gram-negativa *Xanthomonas citri* ssp. *citri* (*X. citri*) é o agente etiológico do cancro cítrico, sendo essa uma das principais doenças de citros para qual não existe cura. Atualmente tem se aplicado compostos a base de cobre contra a *X. citri*, porém já existem registros de cepas isoladas no campo com resistência ao cobre. Dessa forma a busca por compostos com mecanismos de ação mais específicos contra a *X. citri* torna-se cada vez mais necessário para combater essa doença e as diferentes cepas de *X. citri* encontrada no campo. Dentre os mecanismos para investigação de perturbações celulares, a criação de organismos mutantes para ser usado com essa finalidade é um dos caminhos mais eficientes, permitindo também outros estudos com a espécie trabalhada. Com isso, o objetivo do trabalho foi investigar o uso do mutante *X. citri amy::pPM2a-zapA* (*X. citri* ZapA) expressando GFP-ZapA produzido pelo nosso grupo de trabalho LGB (Laboratório de Genética de Bactérias), onde o anel divisional está marcado com a fluorescência de GFP. Assim, qualquer perturbação nessa região seria possível visualizar o rompimento no anel. Porém, para um melhor estudo do mutante em comparação com a *X. citri*, foi estudado as características biológicas do mutante comparando com o isolado do campo. Dessa forma, foi analisado o crescimento do mesmo por um período total de 2 dias, verificando o crescimento a cada 1 hora por absorbância e comparando com a *X. citri*. Através de microscopia analisou-se também o tamanho e morfologia celular, comparando o mutante com a *X. citri*. Os resultados mostraram que o mutante *X. citri* ZapA apresentava o anel divisional marcado com GFP, apresentando resposta aos compostos que afetam a divisão celular. A curva de crescimento mostrou que ambos apresentam as mesmas fases de crescimento, não apresentando diferença em seu desenvolvimento. A análise morfológica mostrou que o mutante apresenta uma média de tamanho maior que a *X. citri*, com tamanho de 2.30 µm enquanto que o isolado do campo apresentou 1.80 µm. Porém, as demais características fisiológicas celulares se mantiveram igual durante as observações de microscopia. Pode-se concluir que o mutante *X. citri* ZapA é uma nova ferramenta para estudar compostos que atuam na divisão celular, sendo uma importante agregação no estudo de antibióticos e nas características biológicas da espécie *X. citri*.

Palavras-chave: Citros; Curva de crescimento; Divisão celular.

Agradecimentos: FAPESP (2017/07306-9).



IDENTIFICAÇÃO DE MICRORGANISMOS MANTIDOS EM COLEÇÃO BIOLÓGICA POR MALDI-TOF MS

Carla Christine Lange¹; Thais Cristina de Assis Oliveira²; Maria Aparecida Vasconcelos Paiva Brito¹; Nívea Maria Vicentini¹; Marcia Giambiagi-deMarval³

¹Embrapa Gado de Leite. ²Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia do Leite e Derivados, Universidade Federal de Juiz de Fora. ³Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, Universidade Federal do Rio de Janeiro. E-mail do autor apresentador: carla.lange@embrapa.br

A Coleção de Microrganismos de Interesse para a Agroindústria e Pecuária (CMIAP), localizada na Embrapa Gado de Leite, em Juiz de Fora, Minas Gerais, conta com um acervo de aproximadamente 3.000 linhagens de patógenos de mastite bovina, bubalina e caprina, patógenos humanos veiculados pelo leite e produtos lácteos, microrganismos deterioradores de alimentos e microrganismos entéricos isolados de bovinos. A grande maioria das linhagens inseridas na coleção foi identificada utilizando-se técnicas microbiológicas clássicas; algumas tiveram a identificação confirmada por técnicas moleculares, como PCR e sequenciamento. O custo das análises moleculares e a necessidade de pessoal treinado limitam o uso dessas técnicas em maior escala. Nos últimos anos houve um crescimento na utilização da técnica de MALDI-TOF MS (*Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry*) em laboratórios de microbiologia. A velocidade dos resultados, a precisão e os baixos custos operacionais dessa técnica permitem a identificação de microrganismos numa escala que não era possível até recentemente. O objetivo deste trabalho foi avaliar a utilização desta técnica na identificação de patógenos isolados de mastite bovina, mantidos na CMIAP. Para isso, 380 estirpes bacterianas isoladas de leite de vacas com ou sem sinais de mastite, foram submetidas à identificação por MALDI-TOF MS. Das 380 estirpes analisadas, 99,2% foram identificadas por esta técnica, 95,5% em nível de espécie e 3,7% em nível de gênero. Ao todo, 12 gêneros e 37 espécies foram identificados pela técnica: 13 espécies do gênero *Staphylococcus*, oito espécies do gênero *Streptococcus*, quatro espécies de *Enterococcus*, duas espécies de *Lactococcus*, uma espécie de *Aerococcus* e nove espécies de bactérias Gram-negativas. Três estirpes não foram identificadas pela técnica, provavelmente porque os espectros dessas estirpes não constam no banco de dados do equipamento. A acurácia de identificação da técnica de MALDI-TOF MS é altamente dependente do banco de dados, que deve ser continuamente atualizado e ampliado. Como conclusão, a técnica de MALDI-TOF MS se mostrou rápida e prática para a identificação de patógenos de mastite e apropriada para a identificação de um grande número de microrganismos, como aqueles inseridos em coleções biológicas.

Palavras-chave: *Staphylococcus*; *Streptococcus*; mastite bovina.

Agradecimentos: à Embrapa, pelo apoio financeiro. Ao Laboratório de Investigação em Microbiologia Médica da UFRJ, por permitir a utilização do espectrômetro de massas.



IDENTIFICAÇÃO DE ISOLADOS DE *Fusarium* DE FEIJOEIRO POR CARACTERIZAÇÃO MORFOCULTURAL, MOLECULAR E PATOGENICA

Jean Fausto de Carvalho Paulino¹; Caléo Panhoca de Almeida¹; Sérgio Augusto Morais Carbonell²; Alisson Fernando Chiorato², Ricardo Harakava³; César Júnior Bueno⁴; Luciana Lasry Bechimol-Reis¹.

¹ Instituto Agronômico - Centro de Recursos Genéticos Vegetais - Campinas (SP), Brasil. ² Instituto Agronômico - Centro de Grãos e Fibras - Campinas (SP), Brasil. ³ USDA-ARS - Beltsville USA. ⁴ Instituto Biológico – São Paulo (SP), Brasil. *E-mail: jeanbiotec@gmail.com.

A murcha de fusarium, causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* (Fop), se destaca por ser considerada a principal doença fúngica de solo na cultura do feijoeiro. O método mais econômico e eficiente para o controle desta doença é a utilização de cultivares resistentes. Como entraves, há a variabilidade genética do patógeno, a dificuldade da sua correta identificação e a falta de padronização de método de inoculação do fungo para selecionar novas cultivares resistentes. Portanto, o objetivo do presente trabalho foi identificar 13 isolados Fop coletados em 4 estados em diferentes áreas produtoras de feijoeiro por meio de testes de caracterização morfo cultural (cor da colônia em meio de cultura, tamanho do conidióforo e os tipos de esporos produzidos), molecular (sequenciamento do gene do fator de alongação - EF) e com teste de patogenicidade em cultivares diferenciadores. A caracterização morfo cultural foi realizada utilizando os meios BDA e SNA. O teste de patogenicidade foi feito nas cultivares diferenciadoras inoculando os isolados pelo método de imersão de raízes cortadas em suspensão de inóculo. Após 21 dias, avaliou-se os sintomas de murcha e clorose nas folhas e descoloração vascular do caule com auxílio de uma escala de notas. Com base nos resultados, constatou-se que os isolados de *Fusarium* obtidos pertencem a espécie *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, murcha de fusarium, gene 1-alfa.

Agradecimentos: FAPESP (2017/24711-4) e CAPES (88882.444193/2019-01).



VIABILIDADE E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ISOLADOS DE *Bacillus thuringiensis*

Maycon Campos Oliveira¹; Ana Maria Barbosa Diniz²; Bárbara de Araújo Pau-Ferro³; Priscila Cordeiro Gomes¹; Christiane Abreu Oliveira Paiva¹; Fernando Hercos Valicente¹; Eliane Aparecida Gomes^{1*}

¹Embrapa Milho e Sorgo. ² Centro Universitário de Sete Lagoas, UNIFEMM. ³ Escola Estadual Sinhá Andrade. *E-mail do autor apresentador: eliane.a.gomes@embrapa.br

A conservação de recursos genéticos microbianos e a pesquisa com esses organismos, constituem práticas estratégicas para o desenvolvimento científico e tecnológico do setor agropecuário. A Embrapa Milho e Sorgo mantém em sua coleção um acervo de 4.630 isolados de *Bacillus thuringiensis* (*Bt*). Alguns destes isolados já foram bem caracterizados e utilizados para o desenvolvimento de bioinsumos para o controle biológico de inseto-pragas, mas a grande maioria encontra-se ainda em fase inicial de caracterização. Garantir a sobrevivência a longo prazo dos isolados bem como a conservação de suas características originais é fundamental para que o potencial biotecnológico desses microrganismos possa ser explorado. Esse trabalho, teve como objetivo a verificação da viabilidade e a caracterização morfológica de isolados de *Bt* preservados por ultracongelamento a -70°C na coleção de microrganismos da Embrapa Milho e Sorgo. Cinquenta e cinco isolados de *Bt* foram escolhidos aleatoriamente para reativação, verificação da viabilidade e pureza, e caracterização morfológica de cristais, que são os corpos paraesporais proteicos produzidos por *Bt*, contendo propriedades inseticidas. Para a verificação da viabilidade e pureza, os isolados foram descongelados, inoculados em ágar LB acrescido de sais (FeSO₄, ZnSO₄, MnSO₄ e MgSO₄) e incubados por 24h a 30°C. Posteriormente, as culturas foram inspecionadas quanto a presença de colônias isoladas, contendo características típicas de *Bt*, e ausência de contaminações aparentes. Para a caracterização morfológica de cristais, culturas de *Bt*, crescidas em LB+sais por 3-4 dias a 30°C, foram coradas com solução de 0,133% (p/v) Coomassie Brilliant Blue e 50% (v/v) ácido acético, e analisadas em microscópio óptico. Todos os 55 isolados analisados apresentaram-se viáveis e apenas as culturas de 2 isolados de *Bt* apresentaram contaminações por outros microrganismos. Observou-se a presença de esporos e cristais em todas as 55 amostras analisadas, indicando que a preservação a -70°C não afetou a capacidade de esporulação e formação de cristais dos isolados de *Bt*. Quanto ao tamanho dos cristais em relação aos esporos, 93% das amostras apresentaram cristais menores que os esporos, e as outras 7% apresentaram cristais de tamanho similar ao do esporo. As principais morfologias de cristais encontradas foram: oval (53%), irregular (30%) e bipiramidal (17%). Como resultados, os estoques de isolados contaminados foram substituídos no acervo e os dados de caracterização fenotípica por microscopia foram registrados e as lâminas fotografadas para eventuais consultas futuras. As informações sobre os isolados de *Bt* mantidos na coleção encontram-se organizadas e disponibilizadas no sistema de informação AleloMicro. Estes isolados, assim como todo o acervo coleção de microrganismos da Embrapa Milho e Sorgo constitui um recurso valioso para programas pesquisa, ensino e desenvolvimento de produtos agroindustriais.

Palavras-chave: Coleção de microrganismos; controle biológico; microscopia.

Agradecimentos: Fapemig; CNPq; Embrapa.



LEVANTAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE VÍRUS EM CULTIVOS COMERCIAIS DE MORANGUEIRO (*Fragaria* spp.) NA REGIÃO ADMINISTRATIVA BRAZLÂNDIA (DF)

Tallyrand Moreira Jorcelino¹; Giovana Curcio Guimarães²; Thainá Berbert Gelelete²; Ayslan Barbosa Moreno³; Marcio Martinello Sanches¹; Rita de Cássia Pereira Carvalho⁴; Marília Santos Silva¹; Wânia dos Santos Neves⁵

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília,DF. ²Centro Universitário de Brasília, Brasília,DF. ³Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Distrito Federal, Brazlândia,DF. ⁴Universidade de Brasília, Brasília,DF. ⁵Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Viçosa,MG. e-mail: tallyrand.moreira@embrapa.br

O cultivo de morangueiro (*Fragaria* spp.) é presente em áreas com vocação rural em diferentes localidades brasileiras, o que requer contínuos e dinâmicos estudos voltados às pragas agrícolas de importância econômica para a cultura, no presente estudo, vírus. Nesse contexto, plantas de morangueiro com sintomas foliares típicos de viroses, a saber vermelhão, faixa das nervuras, mosqueado, clorose marginal foliar e encrespamento foram coletadas para caracterização da possível etiologia viral. Dessa forma, o objetivo da pesquisa foi levantar a ocorrência de vírus em morangueiros sintomáticos em cultivos comerciais no Núcleo Rural da Região Administrativa (RA IV) Brazlândia, Distrito Federal, Brasil, e caracterizar hospedeiras vegetais alternativas. Para o levantamento de vírus candidatos em amostras de folhas sintomáticas em condições de campos de cultivo comercial da safra 2019, adotou-se a detecção por teste sorológico (ELISA) e inoculação mecânica em plantas hospedeiras. Os vírus candidatos avaliados por ELISA com antissoros comercialmente disponíveis e relato de ocorrência em morangueiro no mundo foram: *Arabid mosaic nepovirus* (ArMV), *Beet western yellows polerovirus* (BWYV), *Potato leafroll polerovirus* (PLRV), *Strawberry mild yellow edge potexvirus* (SMYEV), *Tomato bushy stunt tombusvirus* (TBSV), *Tobacco streak virus* (TSV), *Tomato ringspot nepovirus* (ToRSV). Os resultados do estudo indicam que BWYV, presente em amostra de morangueiro com sintomas de vermelhão, pode estar envolvido na etiologia da referida doença. Ademais, na etapa de caracterização de plantas hospedeiras alternativas, há evidências de transmissão mecânica de BWYV para *Datura stramonium* L., a qual apresentou sintomas de manchas necróticas típicas da presença de BWYV. Detecção inequívoca de BWYV nas amostras deve ser feita por amplificação por PCR e sequenciamento gênico.

Palavras-chave: Fitovírus; Luteoviridae; Microrganismo.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Distrito Federal (Emater-DF)



SURVIVAL AND ULTRA-FREEZING TOLERANCE DURING PRESERVATION OF AUTOCHTHONOUS ACID-LACTIC BACTERIA ISOLATED FROM A MEXICAN ARTISANAL CHEESE

José Martín Ruvalcaba Gómez¹, Raúl Jacobo Delgado Macuil², Lily Xochilt Zelaya Molina³, Ramón Ignacio Arteaga Garibay³

¹Campo Experimental Centro Altos de Jalisco, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). ²Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Instituto Politécnico Nacional. ³Centro Nacional de Recursos Genéticos, INIFAP. arteaga.ramon@inifap.gob.mx

Lactic acid bacteria are defined as a ubiquitous group of GRAS (Generally recognized as safe), Gram-positive, non-sporulated, microaerophilic, acid-tolerant and strictly fermentative bacteria. The most important genera (from a technological point of view) are *Lactobacillus*, *Enterococcus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Pediococcus* and *Streptococcus*. These bacteria contribute to the development of sensory characteristics in fermented foods, may confer protection against pathogenic microorganisms and eventually exhibit probiotic properties, whereby results important to generate knowledge about their isolation, characterization and preservation strategies, where long-term preservation plays a crucial role, not only to ensure its availability but to guarantee its long-term functionality. This study was aimed to evaluate the cryo-resistance of native LAB isolated from an acidified Mexican artisanal fresh cheese, through the assessment of the membrane potential and kinetic parameters during its recovery. Cell suspensions (1×10^9 CFU / ml) of 11 BAL strains (including *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Leuconostoc* and *Lactococcus* strains) were prepared using dextrose-free thioglycollate media (Difco™) and glycerol (30%) and preserved at -80°C . The membrane potential was evaluated through flow cytometry using acoustic focusing and the commercial BacLight™ B34950 system on the day of its preparation and 180 days after its conservation; besides, at 42 days' post conservation, the kinetic parameters of the strains were evaluated during their recovery at 37°C in MRS broth and optical density measured by UV-vis spectrometry during the first 12 hours. The bacterial suspensions registered 92 and 77% of cells with the cytoplasmic membrane active at the beginning of the test and 180 days later under conservation at -80°C respectively. Average values ranged between 64 and 92% except for a *Streptococcus* strain that exhibited average values of 21% at 180 days. On the contrary, the kinetic parameters during the recovery of the bacteria did not show variation between the different strains and registered adaptation phases of 4 h average followed by average logarithmic phases of 9 h before reaching the stationary phase, including *Streptococcus*, so that the low membrane potentials that it exhibited could be more related to the affinity of the strain for the dye used than to the viability of the strain itself. The results confirmed that autochthonous LAB from acidified artisan cheese widely resisted the cryopreservation process, in addition to the fact that flow cytometry is a quick method to evaluate the viability and integrity of almost all LAB genera included in the study.

Keywords: flow cytometry, cryopreservation, viability.



O GENE *phoP* (XAC4023) DE *Xanthomonas citri* subsp. *citri* IMPACTA A MORFOLOGIA CELULAR, FORMAÇÃO DE BIOFILME, MOTILIDADE E VIRULÊNCIA

Giovane Böerner Hypolito^{1†*}; Mateus de Souza Terceti^{1†}; Hayen Alonso¹; Henrique Ferreira¹

¹Instituto de Biociências, UNESP – Rio Claro – SP. [†]Esses autores contribuíram igualmente para este estudo. *E-mail do autor apresentador: giboerner@unesp.br

Os sistemas de dois componentes (TCS) permitem o controle genético fino, através da transdução de sinais seguida de mudanças na expressão gênica. Esta estratégia permite que as bactérias consigam se adaptar ao estresse ambiental. O TCS é composto por uma proteína sensorial de membrana histidina quinase (HK) que após captar estímulos extracelulares, fosforila seu par cognato regulador de resposta (RR). O RR fosforilado, tem sua afinidade aumentada pelos sítios promotores dos genes regulados por ele, o que poderá ativar ou inibir a transcrição de diversos genes. O TCS PhoP-PhoQ é composto pela proteína PhoP que é um RR e por PhoQ, uma HK. Este sistema já foi amplamente estudado em diversas espécies bacterianas, estando estreitamente relacionado com a patogenicidade. Contudo, o TCS PhoP-PhoQ nunca foi estudado em *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (*X. citri*). Esta bactéria Gram-negativa é responsável por causar o cancro cítrico asiático, o qual dentre os cancros é a forma mais severa. Essa doença leva à formação de lesões nos frutos, ramos e folhas, o que diminui a qualidade e produção das mudas. Sendo assim, é de extremo interesse compreender os mecanismos moleculares desse fitopatógeno de modo a desenvolver estratégias para seu combate e controle. Devido a inexistência de dados sobre o funcionamento do TCS PhoP-PhoQ em *X. citri*, esse estudo investigou pela primeira vez a relação do gene *phoP* com o crescimento celular, morfologia, formação de biofilme, motilidade, produção de enzimas extracelulares e virulência. Para tanto, foi utilizado a estratégia de deleção por recombinação homóloga do gene *phoP* e os testes foram feitos sempre comparando com a cepa selvagem (WT). Observamos que a deleção do gene *phoP* não altera profundamente o crescimento celular em um dos meios de cultura utilizado e não altera a produção de amilase e proteases. Por outro lado, vimos que o $\Delta phoP$ está afetado na formação de biofilme e na motilidade. Além disso, a deleção do gene *phoP* altera a morfologia bacteriana, provocando a sua filamentação, que pode estar relacionado a erros de divisão celular e/ou segregação cromossômica. Após teste de infiltração em folhas de laranja doce, notamos que o $\Delta phoP$ é menos virulento que a WT. Esses resultados sugerem que o gene *phoP* de *X. citri* é um ótimo candidato/alvo para inativação visando-se redução de virulência e para estudos do processo de divisão celular em *X. citri*.

Palavras-chave: PhoP-PhoQ; citricultura; divisão celular.

Agradecimentos: Ao CNPq e a FAPESP pelo financiamento e bolsas estudo.



INVESTIGAÇÃO DO ENVOLVIMENTO DO GENE *phoP* (XAC4023) NOS PROCESSOS DE DIVISÃO CELULAR E SEGREGAÇÃO CROMOSSÔMICA DE *Xanthomonas citri* subsp. *citri*

Giovane Böerner Hypolito^{1†*}; Mateus de Souza Terceti^{1†}; Hayen Alonso¹; Henrique Ferreira¹

¹Instituto de Biociências, UNESP – Rio Claro – SP. [†]Esses autores contribuíram igualmente para este estudo. *E-mail do autor apresentador: giboerner@unesp.br

A bactéria Gram-negativa *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (*X. citri*), causadora do cancro cítrico asiático, é um dos principais fitopatógenos de laranja doce. Essa bactéria penetra no tecido vegetal, onde faz a secreção de fatores bacterianos para as células vegetais que sofrerão readaptação funcional para privilegiar a infecção. A divisão celular bacteriana é coordenada pela proteína FtsZ, que recruta outras proteínas e formam um complexo proteico chamado anel-Z dando origem ao septo de divisão. Para que a divisão ocorra corretamente, a célula monitorar vários processos, dentre eles a segregação cromossômica. Dito isto, bactérias desenvolveram mecanismos de checagem para garantir sua vida e correta divisão. Tais quais os sistemas de dois componentes (TCS), que poderiam auxiliar no controle de crescimento e divisão. Estes sistemas são compostos por uma proteína sensorial de membrana histidina quinase (HK), que capta estímulos ambientais e fosforila seu par cognato, uma proteína reguladora de resposta (RR) como PhoP. PhoP por sua vez irá transduzir o sinal para uma expressão de resposta interna celular. Aqui, iniciou a investigação do papel do produto do gene *phoP* no processo de divisão celular e segregação cromossômica de *X. citri*. Primeiramente, o gene *phoP* foi deletado desta bactéria por recombinação homóloga. Em seguida para a caracterização morfológica das células foi feita microscopia de contraste de fase do mutante e da cepa selvagem (WT), onde observou-se os seguintes fenótipos no mutante: filamento, formação de cadeia, células curtas e espessas. Para o estudo do septo, expressou-se a proteína auxiliar de FtsZ em fusão com GFP (GFP-ZapA). Com isso, observou-se que há uma quebra/erro na formação do septo, o que pode sugerir a formação de algum dos fenótipos do mutante. Para a visualização da organização do nucleóide foi feita a coloração DAPI. Observou-se que no fenótipo de cadeia o cromossomo bacteriano estava contínuo entre os septos. Sendo assim, pode-se supor que esse fenótipo é devido a um erro durante a segregação cromossômica, uma vez que a célula não consegue concluir o processo de divisão por causa do cromossomo. Esses resultados sugerem que o PhoP poderia regular a transcrição de genes importantes envolvidos nos processos de divisão e/ou segregação cromossômica. Já está sendo feito o transcriptoma, para a confirmação desta hipótese o que poderá permitir desenvolver estratégias para o combate desse fitopatógeno.

Palavras-chave: PhoP-PhoQ; citricultura; genética de bactéria.

Agradecimentos: Ao CNPq e a FAPESP pelo financiamento e bolsas estudo.



BACTÉRIA RESISTENTE À METAIS PESADOS E À ANTIBIÓTICO ISOLADA DO SOLO ESTUARIDO CONTAMINADO COM REJEITO ORIUNDO DA BARRAGEM DE FUNDÃO

Ana L. S. Vasconcelos^{*1}; Thaiane Defalco¹; Kattia Núñez-Montero^{1,2}; Armando Cavalcanti³; Leticia Ximena Barrientos³; Ângelo F. Bernardino⁴ Fernando Dini Andreote¹

¹Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo

²Laboratório de Biologia Molecular Aplicada, Centro de Excelência em Medicina Traslacional, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile ³Andreas Assessoria

⁴Universidade Federal do Espírito Santo *ana.vasconcelos@usp.br

Mapeamento genético busca respostas para as demandas da sociedade e podem auxiliar na preservação da biodiversidade e na qualidade de vida da população. Em 2015 a barragem de fundão da mineradora Samarco se rompeu liberando 500 milhões de m³ de rejeito dos corpos d'água. Entre as áreas contaminadas está o estuário do Rio Doce, onde as concentrações de metais pesados aumentaram em 24 vezes, como para Mn e 200 vezes para Zn e Cu. Os padrões de resistência a metais pesados muitas vezes são similares aos de resistência por antibiótico ocasionando assim uma cosseleção. O objetivo do trabalho foi investigar os mecanismos resistência presentes na espécie isolada por meio dos seus genes de resistência. Para isso, sequenciamos e montamos o genoma completo da bactéria, por meio de das técnicas de sequenciamento Oxford Nanopore MinION and MiSeq da Plataforma Illumina. As sequências acuradas das longas leituras do MinION foram complementadas pelas sequencias curtas de alta cobertura da Illumina e realizamos análises utilizando o banco de dados Resfinder e Software Patric. Nos testes laboratoriais a *Mucilaginibacter* sp. apresentou resistência a cinco classes de antibiótico, β -lactam (ampicilina 200 μ g/ml), aminoglycosides (kanamicin 30 μ g/ml, estreptomicina 10 μ g/ml), tetraciclina 10 μ g/ml, amfenicol (chloramfenicol 30 μ g/ml) quinolona (ácido nalidrílico 30 μ g/ml) e três metais pesados (Cd 150 mmol/L, Mg 3200 mmol/L e Zn 500 mmol/L). Como esperávamos, a presença de genes relacionados a resistência a estreptomicina (GibB, S12p), tetraciclina (S10) quinolona (GyrA, GyrB) foram encontrados. Além da presença de marcadores genéticos de resistência para rifamicina (rpoB), isoniazid (KatG). Pelo nosso conhecimento esta é a primeira vez que que tantos genes de resistência a antibiótico relacionados ao gênero *Mucilaginibacter* foi descrito no Brasil. Além disso foi possível demonstrar que os softwares como Patric é uma ferramenta rápida para avaliar mecanismos de resistência.

Palavras-chave: *Mucilaginibacter* sp.; Desastre da Samarco; Genoma completo

Agradecimentos: Este projeto conta foi fomentado pela CAPES/ANA. ALSV agradece a CAPES e CAPES/Print pela bolsa concedida.



MONTAGEM DO GENOMA DE ISOLADOS BRASILEIROS DE *Magnaporthe oryzae* CAUSANDO BRUSONE DE ARROZ E POLIMORFISMOS DOS GENES DE AVIRULÊNCIA

Letícia de Maria Oliveira Mendes¹; Aluana Gonçalves de Abreu²; Tereza Cristina de Oliveira Borba^{2*}; Marta Cristina Corsi de Filippi²; Valácia Lemes da Silva Lobo²; Ivandilson Pessoa Pinto Menezes¹; Lúcia Vieira Hoffmann³

¹IF Goiano Campus Urutaí E-mail: leticiademaria02@gmail.com. ²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás. ³Embrapa Algodão, Santo Antônio de Goiás

O fungo *Magnaporthe oryzae* é o agente causal da brusone do arroz. Possui ampla distribuição geográfica, e é considerada a doença mais importante da cultura. Apesar da resistência genética ser considerada a estratégia de controle mais econômica e possui menos impactos ao ambiente, o controle químico é considerado a medida mais utilizada. Esse cenário vem da instabilidade da resistência, pois os mecanismos são frequentemente comprometidos pela alta variabilidade do patógeno que dá origem a populações capazes de superar a resistência. Os objetivos desse trabalho foram realizar a montagem de seis genomas de *Magnaporthe oryzae* e identificar marcadores SNPs ligados a genes de avirulência. Foram utilizados isolados da coleção de microrganismos da Embrapa Arroz e Feijão, coletados em seis diferentes estados (MG, MT, SC, RS, TO e MA), em plantio de terras altas ou irrigado, entre os identificados como mais virulentos por inoculação nas em duas séries diferenciadoras. O DNA foi extraído dos isolados: MGa87, MTa91, SCi97, RSi59, TOi67, MAi68 e enviado para o sequenciamento. Foi utilizado *pipeline* disponibilizado pelo software NGSEP para identificação dos marcadores SNPs. O genoma referência utilizado nas análises foi o 70-15 (MG8), obtido no site *European Nucleotide Archive*. Foi feita a predição genômica com o software Augustus. Identificaram-se 131.302 marcadores SNPs. Para os 11 genes de avirulência conhecidos, as posições foram confrontadas manualmente com os genes identificados no *EnsemblFungi* por *blast* no genoma 70-15 (MG8). Foram identificados um SNP para AVR-*Pizt*, dois SNPs para AVR-CO39, AVR-*Pii*, AVR-*Pik/k/m*, e *AvrPib*; três SNPs para *AvrPi54* e quatro AVR-*Pita 1*. Observamos que houve mais variação entre os isolados MGa87, MTa91 e RSi59 em relação ao 70-15. Através da predição genômica encontramos o número de genes para cada isolado MGa87(12.419), MTa91(8.743), SCi97(11.513), RSi59(11.566), TOi67(11.561), MAi68 (11.817). Espera-se compreender melhor a relação entre patógeno e planta, identificando quais genes de avirulência ou quais regiões destes genes são mais estáveis e, portanto, possivelmente mais importantes para desencadear a reação de resistência através dos genes de resistência correspondentes, CO39; *Pii*, *Pik/k/m* e *AvrPib*, e colaborar para que através do melhoramento genético, utilizando os recursos genéticos do arroz, se alcance efetividade e durabilidade da resistência.

Palavras-chave: Fungo; patógeno; planta

Agradecimentos: Ao CNPq/Embrapa pela bolsa DTI



AVALIAÇÃO DA VIABILIDADE E PATOGENICIDADE DE UMA AMOSTRA DE CAV MANTIDA A -80°C POR LONGO PERÍODO

Iara Maria Trevisol¹; Liana Brentano¹

¹Embrapa Suínos e Aves - iara.trevisol@embrapa.br

O vírus da anemia das aves - CAV (chicken anemia virus) foi isolado no Brasil em 1991, na Embrapa Suínos e Aves pelas pesquisadoras Liana Brentano e Eliane Ottati Nogueira. Muitos estudos foram realizados na época e muitas amostras foram preservadas. O CAV está amplamente distribuído em países com avicultura intensiva. Após o período de identificação da doença no Brasil, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, permitiu a importação e uso contínuo de vacina viva para o controle desta enfermidade. Com a utilização massiva da vacina, houve o controle da doença. Do ponto de vista epidemiológico, acredita-se que atualmente não existam amostras totalmente selvagens, uma vez que naturalmente ocorre a substituição gradativa por amostras vacinais, mais abundantes e frequentes, ou existam amostras recombinantes. Buscando verificar a viabilidade de uma amostra selvagem armazenada em 1991, foi estudado o tecido linfóide infectado por CAV e preservado por ultracongelamento (-80°C). A melhor forma de estudar o CAV é através da inoculação de pintos SPF de 1 dia de idade. Pintos foram mantidos em isoladores com pressão positiva, com água e ração a vontade e receberam o desafio no primeiro dia de idade via IM (Certificado/Comissão Ética no Uso de Animais nº028/2018). As aves foram observadas diariamente. Aos 10 dias pós desafio, as aves foram sacrificadas para análise de lesões macroscópicas, colheita de sangue e amostras teciduais para avaliação de lesões microscópicas. Macroscopicamente foi possível identificar atrofia de timo, baço e bursa e aplasia de medula óssea (MO). A análise histopatológica revelou moderada rarefação linfóide na camada cortical do timo e na porção medular dos folículos da bursa. Baço e fígado não apresentaram lesões. Na MO houve leve redução no número de células hematopoiéticas. As lesões encontradas são características do CAV. Os principais tecidos afetados foram submetidos a técnica de PCR para confirmar a presença de CAV e para os vírus da doença de Marek, doença de Gumboro, *Aviadenovirus A* e *Reovírus* como diagnóstico diferencial. As aves foram positivas para CAV e negativas para vírus da doença de Marek, doença de Gumboro, e *Reovírus*. Algumas aves apresentaram reação positiva para *Aviadenovirus A*. É reconhecida a resistência do CAV às condições ambientais e para a maioria dos desinfetantes normalmente utilizados na avicultura. Este estudo foi realizado em 2018. Os tecidos infectados com amostra selvagem estavam armazenados por 27 anos. A preservação do CAV por ultracongelamento (-80°C) manteve a viabilidade e a patogenicidade desta amostra. Esta amostra selvagem de CAV foi armazenada na Coleção Institucional de Microrganismos de Interesse para Suinocultura e Avicultura - CMISEA.

Palavras-chave: anemia das aves, CAV, caracterização.



Recursos Genéticos Microbianos

3- Preservação



CURADORIA DO ACERVO DE FUNGOS DE ORIGEM MARINHA DA ANTÁRTICA

Ana Luiza Mendes dos Reis¹; Lara Durães Sette¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP.
*analum.mr@gmail.com.

As coleções de culturas microbianas possuem um papel essencial no armazenamento e fornecimento de recursos genéticos microbianos, atuando como infraestrutura de apoio para o desenvolvimento científico e biotecnológico. Os acervos da coleção de culturas do Instituto de Biociências da UNESP câmpus Rio Claro, intitulada Central de Recursos Microbianos (CRM-UNESP) possuem uma grande variedade de microrganismos. Dentre eles, podemos destacar os fungos filamentosos e leveduriformes isolados a partir de amostras marinhas da Antártica. Esses isolados estão adaptados às condições extremas do ambiente Antártico incluindo temperaturas baixas, escassez de água no estado líquido, alto índice de radiação UV, entre outras. Tais características fazem com que esses microrganismos sejam considerados como um interessante foco de estudo. Assim, o objetivo deste trabalho foi realizar a curadoria de parte das leveduras isoladas a partir de diferentes amostras marinhas da Antártica, as quais já possuem identificação taxonômica e estão sendo mantidas na coleção de pesquisa do Laboratório de Micologia Ambiental e Industrial (LAMAI), associada à CRM-UNESP. O processo de curadoria compreendeu a reativação do material alvo, verificação de viabilidade celular e pureza. A viabilidade celular e a pureza foram avaliadas utilizando a técnica de estria de esgotamento e análises macro e microscópicas. Um total de 98 leveduras foi previamente selecionado com base na amostra/local de origem e identificação taxonômica. Destes, 72 isolados foram encontrados na coleção. Dentre esses, 52 isolados (72,22%) apresentaram viabilidade sem sinal de contaminação, 12 (16,66%) apresentaram contaminação e 8 (11,11%) não apresentaram viabilidade celular nas condições de cultivo utilizadas (meio PDA - Potato dextrose ágar, a 15°C). As leveduras contaminadas passaram por um processo de descontaminação e 10 foram descontaminadas com sucesso. Novos lotes de preservação (criopreservação a -80°C) foram realizados para as 62 leveduras puras e viáveis e as mesmas foram devidamente embaladas e enviadas para a Universidade Técnica de Munique (TUM). Esse material será utilizado para prospecção de enzimas de interesse ambiental e industrial em colaboração com o grupo de pesquisa alemão. Com base nos resultados obtidos destacamos a importância de utilização de um segundo método de preservação para que se aumente as chances de garantia da recuperação da totalidade do material preservado, tendo em vista que parte do material não apresentou viabilidade celular satisfatória. Este estudo evidencia a importância da curadoria do material biológico associado ao desenvolvimento científico e tecnológico.

Palavras-chave: bioprospecção, leveduras psicrófilas, extremófilos

Agradecimentos: FAPESP (2019/12507-9 e 2018/12098-9).



COLEÇÕES DE CULTURA DO CENTRO DE RECURSOS BIOLÓGICOS JOHANNA DOBEREINER (CRB-JD).

Jerri Édson Zilli¹; Orivaldo José Saggin Júnior¹, Luis Henrique de Barros Soares¹, Fernanda dos Santos Dourado²; Natalia Neutzling Camacho²; Aline Vieira de Matos Macedo²; Eliane Maria Ribeiro da Silva¹, Luis Claudio Marques de Oliveira²

¹Pesquisador Embrapa Agrobiologia; jerri.zilli@embrapa.br, orivaldo.saggin@embrapa.br; luis.soares@embrapa.br; eliane.silva@embrapa.br

²Analista Embrapa Agrobiologia; fernanda.dourado@embrapa.br, natalia.camacho@embrapa.br, aline.macedo@embrapa.br; luis.claudio@embrapa.br.

A coleção de culturas da Embrapa Agrobiologia que hoje possui a designação de Centro de Recursos Biológicos Johanna Döbereiner (CRB-JD) foi iniciada na década de 1960. Hoje o CRB-JD é uma das coleções oficiais do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) que mantém um dos bancos de germoplasma microbiano para a produção de inoculante no país. Estão depositadas na atualidade cerca de 5.770 bactérias distribuídas em mais de 80 gêneros e 469 linhagens de fungos englobando micorrízicos arbusculares, endofíticos de arroz e de cana-de-açúcar. A grande maioria das bactérias e fungos foi obtida buscando-se a promoção de crescimento e nutrição de plantas. Nas bactérias, os gêneros mais abundantes são os fixadores de nitrogênio, como: *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Azospirillum*, *Paraburkholderia/Burkholderia* e nos fungos destacam-se os gêneros *Acaulospora*, *Glomus*, *Periconia* e *Trichoderma*. Os microrganismos colecionados também podem ser estudados para o biocontrole de fitopatógenos e outras funções relacionadas ao crescimento vegetal. Atividades de taxonomia vem sendo conduzidas como rotina, assim como caracterizações de outras funções de interesse da pesquisa em geral e indústria. Desde o ano 2017, o CRB-JD vem prestando serviços para clientes externos, como indústrias, universidades e instituto de pesquisas. São serviços de fornecimento de estirpes padrões e referências para pesquisa ou produção de inoculantes, a análise de qualidade de produtos inoculantes, ensaios de eficiência agronômica, produção de inoculante, depósito de culturas, entre outros. Além da prestação de serviços rotineiros, o CRB-JD presta serviços customizados para os clientes, estabelecendo, por exemplo, contratos de cooperação técnica para o desenvolvimento de novos produtos biológicos. Os recursos captados com os serviços são utilizados para a auxiliar na manutenção do CRB-JD e também condução de pesquisas. A página do CRB-JD no portal da Embrapa pode ser acessada através de <https://www.embrapa.br/agrobiologia/crb-jd>.

Palavras-chave: fixação biológica de nitrogênio; fungos; bactérias.

Agradecimentos: Embrapa, CNPq pelo programa INCT (CNPq 465133/2014-2, Fundação Araucária-STI-043/2019, CAPES), FAPERJ.



ESTUDO TAXONÔMICO DE CEPAS DE *ASPERGILLUS* spp. PRESERVADAS EM COLEÇÃO BIOLÓGICA POR LONGOS PERÍODOS

Brenda de Melo Rodrigues¹; Fernanda da Silva Santos¹; Ingrid dos Santos da Silva¹; Keyna Ferreira Proença¹; Aurea Maria Lage de Moraes¹; Simone Quinelato¹

¹Coleção de Culturas de Fungos Filamentosos (LTBBF/IOC/Fiocruz) Rio de Janeiro/RJ.

¹brenda.rodrigues@ioc.fiocruz.br.

As coleções biológicas são centros de recursos estratégicos, cujas linhagens promissoras fornecem suporte ao desenvolvimento científico e inovação tecnológica do país. Neste cenário, o Reino Fungi possui grande importância bioeconômica. Porém, o sucesso da aplicação biotecnológica de uma linhagem depende significativamente das suas condições de preservação e conservação a longo prazo. O presente estudo, teve como objetivo a avaliação da viabilidade, estabilidade, pureza e autenticação taxonômica de espécies de *Aspergillus* spp. pertencentes às seções *Nigri*, *Flavi* e *Circumdati*, isoladas a partir de diferentes substratos e preservadas sob óleo mineral por longos períodos na Coleção de Culturas de Fungos Filamentosos (IOC/Fiocruz). Foi realizada a reativação de 42 cepas e seus respectivos subcultivos. As cepas passaram por três repiques sucessivos, em triplicata, em tubos contendo Czapek Extrato de Levedura Ágar e Extrato de Malte Ágar, pelo período de 7-21 dias em BOD a 25± 1°C. Para a autenticação taxonômica, as cepas foram submetidas a análise macromorfológica e incubadas em BOD por 7 dias em temperatura de 25°C e 37°C± 1°C e análise micromorfológica através de microcultivo e incubação em 25°C± 1°C. Cerca de 19,05 % das cepas preservadas por um período entre 33 a 60 anos, mostraram-se inviáveis. Cerca de 16,66% das cepas preservadas por um período entre 37 a 52 anos, mostraram-se instáveis. Entretanto, 21,43% das cepas preservadas por um período entre 5-40 anos mostraram-se viáveis, estáveis e puras, sendo autenticadas e preservadas pelo método de liofilização. Todavia, cerca de 14,28% das cepas estão em análise de viabilidade e autenticação taxonômica. Após a preservação das cepas, estas serão avaliadas quanto produção de enzimas hidrolíticas. Os dados obtidos oferecem respostas positivas, considerando o tempo e as condições de preservação na qual as amostras foram submetidas. Em razão da ampla diversidade genética e plasticidade fenotípica dos fungos, tornam-se necessários estudos sobre preservação e conservação desses espécimes. Contudo, não existe uma fórmula universal e adequada que garanta a eficiência da estocagem e conservação a longo prazo, pois a escolha da técnica de preservação das cepas é norteadas pelas características do espécime em estudo, vantagens e desvantagens das técnicas disponíveis.

Palavras-chave: coleções microbiológicas; fungos filamentosos; preservação.

Agradecimentos: à Vice-Presidência de Pesquisa e Coleções Biológicas (VPPCB/Fiocruz) e ao Instituto Oswaldo Cruz (IOC/Fiocruz) pelo suporte e concessão de bolsa.



Recursos Genéticos Microbianos

4- Documentação



CURADORIA DO ACERVO DE FUNGOS ANTÁRTICOS DOS GÊNEROS *Geomyces* e *Pseudogymnoascus* DA CENTRAL DE RECURSOS MICROBIANOS DA UNESP

Morgana Ferreira Turunday^{1*}; Daniela Oliveira Lisboa¹; André Rodrigues¹; Lara Durães Sette¹

¹Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus Rio Claro, São Paulo. *morganafturunday@gmail.com

A Antártica é um dos ambientes mais inóspitos da terra, entretanto, os micro-organismos adaptaram-se às condições adversas e habitam diferentes ecossistemas antárticos. Fungos dos gêneros *Geomyces* e *Pseudogymnoascus* são queratinolíticos, toleram e crescem a baixas temperaturas, além de serem isolados com frequência a partir de diversas amostras da Antártica. Devido a importância biotecnológica e clínica como patógenos de humanos e de morcegos, esses gêneros ganharam a atenção dos pesquisadores. No entanto, a complexa história taxonômica desses micro-organismos ainda apresenta muitas lacunas no que se refere às relações filogenéticas e descrição de novas espécies. Neste contexto, no presente estudo foram utilizados 86 isolados previamente identificados como *Geomyces* sp. e *Pseudogymnoascus* sp. que compõem, juntamente com outros isolados, o acervo de fungos da Antártica da Central de Recursos Microbianos da UNESP (CRM-UNESP). Após a reativação e incubação em condições ótimas a viabilidade e pureza desses isolados foi avaliada. Todos os fungos estavam viáveis e 80 foram considerados como pertencentes a um desses dois gêneros, tendo como base as características morfológicas das colônias e características microscópicas das estruturas reprodutivas. A triagem morfológica dos 80 isolados permitiu a separação em 9 morfotipos. Além disso, foi realizado o sequenciamento da região espaçadora interna transcrita (ITS) de todos os isolados. Em seguida, foi realizada a análise filogenética com as sequências dos isolados do presente trabalho, juntamente com sequências de outros isolados dos mesmos gêneros depositadas no GenBank. Todos os 80 isolados avaliados foram afiliados ao gênero *Pseudogymnoascus*. Os dados derivados das análises de sequenciamento e filogenia permitiram distinguir cinco clados, o que sugere a presença de diferentes espécies filogenéticas. Outros marcadores moleculares estão em processo de sequenciamento para refinar a identificação até espécie e para avaliar as relações filogenéticas com outros fungos relacionados a esse gênero. Representantes das diferentes espécies/clados serão avaliados quanto à produção de queratinase, uma enzima com potencial aplicação em diferentes setores. O presente estudo colaborou com a organização e autenticação do acervo de pesquisa da CRM-UNESP, permitindo que futuros estudos taxonômicos e aplicados tenham acesso a um acervo devidamente identificado.

Palavras-chave: Ambientes extremos; filogenia; fungos filamentosos.

Agradecimentos: Fapesp (2016/97057-7 e 2018/12098-9), CNPq (407986/2018-9) e CAPES (Código de Financiamento 001).



PULSOS DE INUNDAÇÃO EM PLANÍCIES ALUVIAIS AMAZÔNICAS COM ÁGUAS NEGRA, BRANCA E CLARA MOLDAM OS PADRÕES METABÓLICOS DA MICROBIOTA DO SOLO

Dayane Juliate Barros¹; Marília de Souza Bento²; Maria Bernadete Amâncio Varesche³; Siu Mui Tsai⁴; Paula Benevides de Moraes¹; Acacio Aparecido Navarrete^{1,5*}

¹Universidade Federal do Tocantins. ²Universidade Federal de São Carlos. ³Universidade de São Paulo. ⁴Centro de Energia Nuclear em Agricultura. ⁵Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. *E-mail do autor apresentador: dayjuliati@gmail.com

O presente estudo foi impulsionado pela necessidade de uma avaliação dos efeitos dos pulsos de inundação em planícies aluviais nas comunidades metanogênicas ativas e seus perfis metabólicos e nos fluxos de metano (CH₄) na região amazônica em sítios amostrais florestais e sob sistemas agrícolas tradicionais considerando os diferentes tipos de águas da Amazônia (águas negra, barrenta e clara). A estrutura e composição das comunidades metanogênicas ativas foram reveladas por sequenciamento de amplicons do gene 16S rRNA, utilizando cDNA como molde; os perfis metabólicos ao nível da comunidade (CLPP) foram avaliados por Biolog Ecoplate™; e fluxos de CH₄ determinados a partir de câmaras estáticas e cromatografia gasosa. Maior intensidade e riqueza em substratos de carbono utilizáveis foram evidenciadas para as comunidades microbianas na planície de água clara, acompanhadas dos maiores fluxos de emissão de CH₄ para a atmosfera. No período não inundado o padrão de consumo de substratos foi vinculado aos grupos de ácidos carboxílicos e polímeros. No período inundado a maior contribuição foi de substratos na forma de aminoácidos. Em relação aos locais de planície de água barrenta, verificou-se maior aumento do valor AWDC – *Average Well Colour Development* ($P < 0,05$; não inundado = 0,054; inundado = 0,467) que resultou na diminuição da diversidade e equitatividade da comunidade metanogênica, com aumento na abundância relativa de *Methanomassiliicoccales*. Os fluxos de CH₄ diferiram significativamente ($P < 0,05$) devido ao pulso de inundação, com os solos sequestrando CH₄ no período não inundado e emitindo CH₄ no período inundado em todos os tipos de água. Os gêneros metanogênicos mais responsivos aos pulsos de inundação foram: *Methanobacteriales*, *Methanomassiliicoccales* e *Methanofastidiosales*, tendo sido este último detectado apenas em sítio florestal não inundado em planície aluvial de rio de água clara. Assim, em consequência da inundação nas planícies aluviais amazônicas a microbiota do solo consumiu substratos de rápida absorção e contribuiu com maiores emissões de CH₄ para a atmosfera, a partir de comunidades compostas principalmente por *Methanomassiliicoccales* em águas barrentas e claras, e *Methanocellales* em água negra.

Palavras-chave: Biolog Ecoplate, cDNA, comunidade metanogênica.

Agradecimentos: FAPESP e CAPES.



COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DE INTERESSE PARA A AGROINDÚSTRIA TROPICAL: IMPLEMENTAÇÃO DE REQUISITOS CORPORATIVOS DE QUALIDADE

Terezinha Feitosa Machado¹; Laura Maria Bruno¹; Patrícia do Nascimento Bordalo¹; Aline Saraiva Teixeira^{1*}, Antônia Régia Abreu Sobral¹, Carlos Alberto de Jesus Filho²

¹Embrapa Agroindústria tropical. ²Universidade Federal do Ceará.

*terezinha.feitosa@embrapa.br

A Coleção de Microrganismos de Interesse para a Agroindústria Tropical (CMIAT), situada na Embrapa Agroindústria Tropical, possui um acervo constituído pelos gêneros bacterianos *Salmonella*, *Escherichia*, *Staphylococcus*, *Lactobacillus* e *Enterococcus* provenientes de amostras alimentos. A coleção integra a Rede Microbiana da Embrapa e tem como função a aquisição, preservação, armazenamento, identificação e catalogação de microrganismos para dar suporte à pesquisa científica, estudos epidemiológicos, bem como ao desenvolvimento de novos produtos. Visando atender ao que preconizam os requisitos corporativos de qualidade da Embrapa para coleções de microrganismos, o objetivo deste trabalho é apresentar as atividades que a CMIAT tem desenvolvido no escopo desse sistema. Em relação à estrutura organizacional a CMIAT dispõe de uma equipe constituída de pesquisadores e técnicos responsáveis pela curadoria, biossegurança, operacionalização laboratorial, implantação e monitoramento da qualidade. Dentre os documentos padrões, a coleção dispõe de plano de biorrisco, procedimentos operacionais padrões (POP) para coleta de amostra, isolamento de bactérias, preservação de bactérias e prospecção de microrganismos. Além desses, dispõe de instruções técnicas (IT) para o controle de qualidade das linhagens da coleção, para o uso dos equipamentos utilizados pela coleção e para acesso ao sistema de informação alelomicro. No quesito registro, estão implementados na coleção os legais (autorização do SISGEN), os da coleção (depósito, inclusão e perda de linhagens), os de experimentos (caderno de laboratório), os de pessoal (certificados de treinamento e supervisão) e os de condições ambientais. No que se refere às instalações e condições ambientais a coleção tem controle de acesso, planta baixa e mapa de risco com identificação dos diferentes tipos de risco em cada área, áreas específicas para preparo, reativação, manipulação e processamento das amostras com separação de áreas limpas e sujas com fluxo organizado, atendendo ao que preconiza o nível de risco de biossegurança NB2. Dentre os equipamentos e instrumentos de medição necessários para suas atividades, a coleção dispõe de autoclave, balança, banho-maria, capela de fluxo laminar, estufas incubadoras de crescimento, estufa de secagem, *freezer*, *ultrafreezer*, medidor de pH, micropipetas, micro-ondas, microscópio ótico, sistema de purificação de água, termômetro e agitador de tubos, que são operados por pessoal capacitado de acordo com instruções e procedimentos estabelecidos.

Palavras-chave: coleção; microrganismos; qualidade.



DIVERSIDADE DA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DE INTERESSE PARA A SUINOCULTURA E AVICULTURA (CMISEA) DA EMBRAPA SUÍNOS E AVES

Catia Silene Klein¹; Lara Maria Trevisol¹

¹Embrapa Suínos e Aves: catia.klein@embrapa.br

Este trabalho objetiva a divulgação da diversidade da CMISEA, cujo acervo é formado por 2.371 linhagens cadastradas no Sistema Alelomicro (Embrapa Recursos Genéticos), distribuídas no Domínios Bactéria com 2.234 bactérias, Riboviria, Monodnaviria e Reino Duplodnaviria com 37 vírus). As linhagens de Bactérias pertencem a 11 Famílias e 18 Gêneros: **Actinomycetaceae**: *Arcanobacterium*; **Alcaligenaceae**: *Bordetella*; **Campylobacteraceae**: *Arcobacter*, *Campylobacter*; **Erysipelotrichidae**: *Erysipelothrix*; **Enterobacteriaceae**: *Salmonella*, *Escherichia*, *Proteus*, *Yersinia*, *Citrobacter*; **Mycoplasmataceae**: *Mycoplasma*; **Mycobacteriaceae**: *Mycobacterium*; **Pasteurellaceae**: *Pasteurella*, *Glässerella*, *Actinobacillus*; **Pseudomonadaceae**: *Pseudomonas*; **Staphylococcaceae**: *Staphylococcus*; **Streptococcaceae**: *Streptococcus*. As 137 linhagens de vírus estão distribuídas em 9 Famílias e 8 Gêneros: **Anelloviridae**: *Gyrovirus*; **Circoviridae**: *Circovirus*; **Coronaviridae**: *Gammacoronavirus*; **Picornavirinae**: *Senecavirus*, **Orthomyxoviridae**: *Alphainfluenzavirus*; **Paramyxoviridae**: *Orthoavulavirus*; **Pneumoviridae**: *Metapneumovirus*; **Parvoviridae**: *Protoparvovirus* e **Ackermannviridae**, provável família dos bacteriófagos ainda em caracterização (gênero não definido). Os gêneros *Salmonella* (859), *Escherichia* (265), *Pasteurella* (258), *Campylobacter* (152), *Glässerella* (147), *Mycobacterium* (137), *Bordetella* (133), *Actinobacillus* (116), *Streptococcus* (107) e *Alphainfluenzavirus* (105) correspondem a 96,1% do acervo da CMISEA. Quanto a Taxonomia, 87,5% possuem identificação mínima em nível de espécie, 9,7% em nível de subespécie ou sorovar, 5,8% em nível de gênero e 2 linhagens apenas em nível de ordem. As linhagens de *Anamox* (*Anaerobic Ammonium Oxidation*), que realizam a oxidação anaeróbia da amônia, compreendem uma comunidade de bactérias. Algumas foram identificadas pelo gene 16S rRNA: *Nitrobacter*, *Nitrosomonas*, *Nitrosospira*, *Nitrosococcus*, *Nitrosovibrio*, *Nitrosolobus*, *Janthinobacterium*, *Candidatus Jettenia asiatica*, *Candidatus Anammoxoglobus propionicus*, *Candidatus Brocadia anammoxidans*, *Candidatus Kuenenia stuttgartiensis* e uma denominada *Brasiliis concordiensis*, juntas formam um “consórcio de microrganismos”. Quanto ao Bioma brasileiro, local de origem da coleta primária da linhagem, o acervo está distribuído na Mata Atlântica: 84,6%, Cerrado: 7,9%, Pampa: 2,9%, Pantanal, Amazônia e Caatinga juntos: 0,21%. Quanto ao hospedeiro, 90% das linhagens formam dois grandes grupos, *Sus scrofa domesticus* (67%) e *Gallus gallus* (20,8%), uma vez que a coleção foi construída com foco nas cadeias de suínos e aves. Demais hospedeiros são *Homo sapiens*, *Bos taurus* e *Mus musculus*. A CMISEA hoje possui um acervo muito bem caracterizado, as linhagens são disponibilizadas para possíveis intercâmbios por meio da plataforma Alelo Web (<http://alelomicro.cenargen.embrapa.br>).

Palavras-chave: CMISEA, Alelomicro, suínos, aves, CNPSA



HISTÓRIA DA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DA EMBRAPA SUÍNOS E AVES

Catia Silene Klein¹, Iara Maria Trevisol¹

¹Embrapa Suínos e Aves - catia.klein@embrapa.br

A Embrapa Suínos e Aves foi criada em 13 de junho de 1975, como Centro Nacional de Suínos. Três anos depois, em 1978, o Centro recebeu também a incumbência da pesquisa em aves, passando a ser denominado até os dias atuais como Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves. A história da coleção de microrganismos acompanha o início das atividades da empresa. O primeiro registro em livro ata, foi em 31/03/1977 pelo pesquisador José Renaldi Feitosa Brito, que na época denominou “Bacterioteca CNPSu - EMBRAPA”, com a finalidade de armazenar amostras de bactérias de casos clínicos de doenças de suínos, no laboratório de sanidade animal – setor de Bacteriologia de Suínos. Grande quantidade de amostras de *Bordetella bronchiseptica* (Bb) foram armazenadas nos primeiros anos. Naquele período, as principais doenças bacterianas em suínos era a rinite atrófica (RA) e a colibacilose que causavam grandes perdas econômicas para a cadeia produtiva. Nesta linha de pesquisa atuavam os pesquisadores Itamar Antônio Piffer, José Renaldi Feitosa Brito e Maria Aparecida Vasconcelos Paiva Brito, responsáveis pelo avanço científico e tecnológico, quando também desenvolveram a primeira vacina contra RA do Brasil. Desde o início, a equipe do laboratório sempre teve grande preocupação e cuidado com a preservação deste importante acervo, porém, devido a constantes quedas de energia e inexperiência quanto a necessidade de repiques, muitas amostras foram perdidas. Além desta vacina, muitos outros estudos, vacinas, teste de tipo ELISA e outros, foram desenvolvidos utilizando as amostras dessa importante coleção. A partir da formalização da como “Coleção Institucional de Microrganismos de Interesse para Suinocultura e Avicultura - CMISEA” em 2009, a coleção foi credenciada como fiel depositária para acessos de patrimônio genético. Com investimento institucional por meio de projetos como o GESTICOL e QUALIMICRO, as coleções passaram a implementar o sistema de qualidade e organizar os dados no sistema Alelo Web (<http://alelomicro.cenargen.embrapa.br>). Outra ação é a recuperação de antigos estoques, com verificação da viabilidade e complementariedade das caracterizações das linhagens com técnicas moleculares. Após caracterização mínima, as amostras são cadastradas no Alelomicro e mantidas na CMISEA pelos pesquisadores, que são “guardiões” deste patrimônio. A coleção atualmente possui um acervo de 2.371 linhagens, a maioria de bactérias (94,2%) e vírus (5,8%) e continua em constante expansão. A CMISEA utiliza a criopreservação em nitrogênio líquido (-196°C), ultracongelamento (-80°C), temperatura ambiente (+ 22 - 24°C), refrigeração (+ 5 - 8°C) e liofilização. O método é escolhido de acordo com a espécie a ser preservada. E a história desta coleção será continuamente escrita por muitas mãos e muitos microrganismos.

Palavras-chave: CMISEA, Alelomicro, bacterioteca.



Recursos Genéticos Microbianos

5- Prospecção e aplicação biotecnológica



DESCOLORAÇÃO E DESTOXIFICAÇÃO DE CORANTE TÊXTIL POR FUNGOS ANTÁRTICOS DE ORIGEM MARINHA

THAÍS T. YOSHINAGA^{1*}; LARA D. SETTE¹.

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Instituto de Biociências de Rio Claro, Laboratório de Micologia Ambiental e Industrial (LAMAI), Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Microbiologia Aplicada). *tt.yoshinaga@unesp.br

Recursos genéticos microbianos provenientes de ambientes extremos podem possuir propriedades diferenciadas para aplicação biotecnológica industrial e/ou ambiental devido às adaptações que estes organismos precisam desenvolver para habitar estes ambientes. Enzimas oxidativas (ligninases) capazes de degradar compostos carbônicos alifáticos e aromáticos têm sido aplicadas em estudos de biodegradação. Quando produzidas por microrganismos adaptados à condição salina essas enzimas possuem aplicação potencial na descoloração e degradação de corantes e efluentes têxteis, uma vez que estes são salinos e alcalinos. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar o potencial de descoloração e destoxificação do corante têxtil índigo carmine por 20 fungos filamentosos isolados seletivamente a partir de amostras de sedimentos marinhos antárticos. Para isto, esporos fúngicos (1×10^6 /mL) foram adicionados ao meio extrato de malte 2 % contendo o corante índigo (100 mg/L) e este material foi incubado por 7 dias à 20 °C e 140 rpm. Após a incubação, o material foi filtrado à vácuo e o sobrenadante foi utilizado para avaliar a descoloração e a destoxificação. A porcentagem de descoloração foi determinada após leitura em espectrofotômetro a 610 nm dos bioensaios e controle. A destoxificação foi avaliada utilizando sementes de *Cucumis sativus* (pepino) como bioindicador por meio da medição do comprimento da raiz e hipocótilo ou contabilização da não germinação, após incubação à 24°C por 120h. Dentre os 20 isolados avaliados, 8 apresentaram descoloração, sendo 3 deles (J2A, D2C e D2P) entre 60 e 82% e outros 3 (J2E1, J2E2 e J2C) entre 30 e 42%. Os outros 2 fungos (J2D e D8C1) apresentaram descoloração muito baixa. A toxicidade dos bioensaios ficou entre 60 e 100%, sendo os fungos que mais descoloriram aqueles que apresentaram maior toxicidade. Isso pode estar relacionado com a geração de moléculas mais tóxicas durante a degradação. Um total de 2 isolados (J2F e J8A) apresentou destoxificação de 75 e 49%, o que pode ser indicativo de um mecanismo diferente de modificação da molécula do corante. Em linhas gerais, estes isolados avaliados apresentaram potencial para biodegradação de corante têxtil. Posteriormente, estes fungos serão testados em consórcios, para avaliar a performance de descoloração e destoxificação, a produção das enzimas Lacase, Manganês Peroxidase e Lignina Peroxidase, bem como a aplicabilidade em tratamento de efluente têxtil.

Palavra-chave: Biodegradação; Biotecnologia Ambiental; Extremófilos;

Apoio: Fapesp (Projeto 2018/12098-9) e CNPq (130461/2019-9).



CONSÓRCIO MICROBIANO ISOLADO DE CORANTE NATURAL DE *Bixa orellana* L. PARA BIODEGRADAÇÃO DE CORANTE TÊXTIL SINTÉTICO

Carolina Rosai Mendes^{1*}; Guilherme Dilarri¹; Maurício Miguel Fragali Pane¹; Ederio Dino Bidoia¹; Renato Nallin Montagnolli¹

¹Universidade Estadual Paulista - UNESP. *E-mail: carolina_rosai@hotmail.com

O efluente da indústria têxtil é caracterizado por alta carga orgânica, presença de cor e compostos xenobióticos. Quando liberados em corpos receptores de água causam bioacumulação, mutagenicidade e poluição visual. O emprego de tratamentos biológicos é uma alternativa viável e de baixo custo para o setor industrial, alguns microorganismos possuem aparato enzimático capaz de decompor compostos recalcitrantes. O intuito do tratamento biológico em efluentes têxteis é diminuir o impacto negativo no ambiente a partir de microorganismos pré-selecionados. O consórcio microbiano (CM1) foi isolado do meio de cultura mínimo (MM) contendo apenas como fonte de carbono o corante natural extraído da semente de *Bixa orellana* L. (Urucum) com pigmentos do tipo carotenóides alfa, beta e bixina. Após sete dias de incubação a 28 °C em meio sólido, o CM1 foi crescido em *overnight* em meio líquido na proporção de 60% com corante natural de *B. orellana* L. Foram isoladas sete linhagens de bactérias identificadas ao nível de gênero, através da amplificação do gene RNA ribossomal 16S pela técnica de PCR, sendo *Bacillus*, *Listeria*, *Sphingomonas* e *Pseudomonas*. O meio contendo CM1 foi centrifugado a 4000 força G e o pellet ressuscitado em solução salina 0,9 M, o qual foi usado uma alíquota para as análises de biodegradação do corante têxtil reativo Drimaren® Red X-6BN à concentração de 100 µg mL⁻¹. A solução do corante têxtil com CM1 seguiu em baixa agitação a 28 °C. A biodegradação foi mensurada a cada 120 minutos em espectrofotômetro no UV-Vis ajustado para varredura entre 200 a 800 nm. O controle apresentou absorvância em 1,203 A no pico de onda máximo em 632λ. Após, 540 minutos a absorvância caiu para 0,647 A uma redução de 54%. A biodegradação pode ter início no anel aromático do corante que é transformado em metabolito di-hidroxiaromático (tipicamente um catecol) pela introdução de grupos hidroxila por mono ou di-oxigenases, seguido da abertura do anel catecol por di-oxigenases. Estas enzimas catalisam a adição de oxigênio molecular ao anel, quebrando uma das ligações carbono-carbono. O CM1 apresentou grande potencial para biodegradação do corante têxtil Drimaren® Red X-6BN com expectativas para uso no tratamento biológico de efluentes têxteis. Desse modo, garantir um tratamento direcionado com microorganismos selecionados que degradam compostos aromáticos xenobióticos de maneira mais rápida em ambiente controlado para reduzir a contaminação no meio ambiente.

Palavras-chave: Bioprospecção; Semente de Urucum; Corante Drimaren® Red X-6BN.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-CAPES.



BIODEGRADAÇÃO E TOXICIDADE DE RESÍDUO AERONÁUTICO COM MICROBIOTA SELECIONADA

Maurício Miguel Fragali Pane¹; Carolina Rosai Mendes^{1*}; Renato Nallin Montagnolli¹ Ederio Dino Bidoia¹

¹Universidade Estadual Paulista. *E-mail: carolina.rosai@unesp.br

Perfluorados (PFCs) como ácido perfluorooctano sulfônico, perfluoroalquil e polifluoroalquil compõem a espuma formadora de filme aquoso (AFFF) usada no combate de situações reais e simulações de incêndio em aeroportos. A AFFF impede a reação de combustão por meio da formação de uma camada hidrofóbica e lipofóbica. No entanto, PFCs são compostos recalcitrantes e bioacumulativos. Esses e outros contaminantes, como querosene de aviação proveniente do fluxo de aeronaves, são lavados das pistas de pouso para áreas permeáveis do solo. Portanto, selecionar microrganismos autóctones do solo com contaminação crônica é importante para estudos de biorremediação. Amostra de solo foi coletada do Aeroporto Internacional de Viracopos em Campinas/SP e em laboratório foram acrescidos 25 mL de querosene de aviação e 25 mL de AFFF 6% na amostra. Atividades microbianas no solo foram quantificadas em respirômetro de Bartha & Pramer. A biodegradação foi quantificada semanalmente via níveis de CO₂ (μmol/L) produzidos da atividade microbiana em atmosfera controlada a 28 °C. A toxicidade do solo foi avaliada após ensaios de biodegradação, usando o método de disco-difusão com cepas de *Bacillus subtilis* (ATCC® 6633™) e microrganismo β selecionado da amostra de solo. Os resultados mostraram aumento exponencial de CO₂, o que indica atividade microbiana relacionada à biodegradação de querosene e AFFF como fonte de carbono. A produção acumulada de CO₂ (μmol/L) atingiu seu pico máximo em 28 dias, seguido por decréscimo em curva logarítmica da atividade microbiana em função do tempo. Esse dado sugere esgotamento da fonte de carbono ou que a microbiota não possui aparato enzimático capaz de seguir novas vias de degradação dos metabólitos secundários. A degradação parcial do contaminante pode gerar subprodutos mais tóxicos, como aminas primárias. Isso ocorre quando a molécula não completa a mineralização. Esse resultado foi confirmado no ensaio de ecotoxicidade com a formação de halo de 12 mm para *B. subtilis*, indicando alta toxicidade do composto. O microrganismo β não apresentou halo de inibição, sugerindo uma resistência ao contaminante por pré-seleção no ambiente. Este estudo apresentou resultados positivos no que diz respeito à produção de CO₂ e sua possível correlação com a produção de metabólitos na via de degradação do contaminante. Além disso, foi possível notar a alta resistência do microrganismo β , o que permite a suposição de uma seleção prévia no ambiente contaminado. A via metabólica de degradação utilizada pelo microrganismo será avaliada nos próximos estudos, visando à análise de sua aplicabilidade em tratamentos de biorremediação.

Palavras-chave: PFCs; AFFF; Querosene de aviação.

Agradecimentos: CNPq - PIBIC 147231/2018-3.



INFORMATIZAÇÃO DO ACERVO DE FUNGOS DE ORIGEM MARINHA E ANTÁRTICA DA CRM-UNESP

Victor Gustavo Nardo^{1*}; Ana Luiza Mendes dos Reis¹; Lara Durães Sette¹.

¹Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, São Paulo, Brasil. *victor_nardo@hotmail.com

A coleção de culturas microbianas do Instituto de Biociências de Rio Claro intitulada “Central de Recursos Microbianos da UNESP (CRM-UNESP)” atua no suporte ao desenvolvimento científico e tecnológico. O acervo é direcionado para linhagens microbianas de aplicação biotecnológica, educacional e taxonômica e contém micro-organismos restritos aos grupos de risco 1 e 2 (Organização Mundial de Saúde – OMS), incluindo principalmente fungos filamentosos e leveduras. Para cada linhagem preservada os dados associados precisam ser curados e mantidos com segurança. Para tanto as informações associadas aos micro-organismos do acervo da CRM-UNESP são registradas no sistema informatizado de gerenciamento, o μ SICol, desenvolvido pelo Centro de Referências em Informação Ambiental (CRIA) com apoio do Ministério de Ciência, Tecnologia, Inovações e Comunicações (MCTIC). O μ SICol permite a inserção de diversas informações, tais como: dados de origem, coletor, dados taxonômicos, propriedades, sequências gênicas, condições de cultivo, entre outras. Dentre as vantagens de se utilizar um sistema informatizado destaca-se a rápida rastreabilidade de informações e a estruturação de um catálogo online de acesso público. Assim o presente trabalho teve como objetivo a curadoria dos dados atrelados aos micro-organismos de um dos três laboratórios que compõem a CRM-UNESP, o Laboratório de Micologia Ambiental e Industrial (LAMAI), para a inserção no μ SICol. Os dados foram planilhados, e contabilizados em 2425 isolados. Deste total, 716 (29,5%) isolados já foram taxonomicamente identificados e possuem um código CRM. Dentre os fungos identificados, 130 (18%) foram isolados a partir de amostras marinhas da costa brasileira e 586 (82%) de ambientes antárticos (marinho e terrestre). A maioria destes micro-organismos (524, 73%) possui sequência gênica depositada no *GenBank* (NCBI). Esse material vem sendo utilizado em pesquisas relacionadas com biotecnologia industrial e ambiental e vários isolados já foram explorados quanto à produção de enzimas (e.g lipases, proteases, L-asparaginases enzimas ligninocelulolíticas) e degradação de poluentes. A informatização desses dados permite que as características/propriedades do acervo estejam preservadas e de fácil acesso. Tais informações ressaltam a importância da CRM-UNESP na conservação e conhecimento da biodiversidade microbiana, bem como no desenvolvimento de pesquisas relacionados com a prospecção de biomoléculas, estudos de biologia molecular, genética e ecologia microbiana.

Palavras-chave: Biobancos; Biodiversidade; Bioeconomia

Agradecimentos: FAPESP (2018/12098-9; 2019/12507-9), CNPq (407986/2018-9) e FINEP (Conv. 01.19.0132.00)



ADSORÇÃO DE CORANTE TÊXTIL POR FUNGOS BASIDIOMICETOS DE ORIGEM ANTÁRTICA

Gabriele Santana de Farias^{1*}; Juliana Aparecida dos Santos²; Lara Durães Sette³

^{1, 2, 3} Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Campus Rio Claro

* Gabriele Santana de Farias (gabriele.farias@unesp.br)

As geleiras da Antártica estão sofrendo um processo de retração e o solo recém-descoberto é propício para o desenvolvimento de comunidades microbianas. Esse novo ambiente em conjunto com os novos micro-organismos que o habitam pode ser considerado como fonte de recursos microbianos com aplicação biotecnológica em diversas áreas. Entre essas áreas destaca-se a ambiental, mais especificamente o tratamento de efluentes industriais. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a adsorção do corante têxtil Vermelho Congo por três fungos basidiomicetos isolados a partir de amostras de solo de recuo da geleira Collins (Península Fildes, Antártica). O Vermelho Congo é utilizado para tingimento de tecidos, pertence à classe dos corantes diazo e considerado como tóxico, carcinogênico e mutagênico. Para a condução do presente estudo, os fungos basidiomicetos de origem Antártica foram cultivados em placas de Petri com meio ágar batata dextrose a 25°C por um período de 7 dias. Para a produção do pré-inóculo foram retirados 3 círculos de 5 mm de diâmetro de ágar + micélio a partir do cultivo em meio sólido, os quais foram introduzidos em Erlenmeyers contendo 20 mL de meio caldo batata dextrose e incubados a 25°C em incubadora com agitação de 140 rpm por mais 7 dias. O pré-inóculo foi então autoclavado por 40 min a 1 atm para a inativação de possíveis enzimas que pudessem atuar na degradação do corante. O pré-inóculo autoclavado foi transferido para um novo Erlenmeyer contendo 50 mL de meio mínimo mineral acrescido com o corante Vermelho Congo em uma concentração de 100 mg/L e incubado por 7 dias em incubadora com agitação, nas mesmas condições descritas anteriormente. Após o período de incubação, os ensaios foram centrifugados a 6000 RPM por 15 min para separar a massa fúngica do sobrenadante. Com o sobrenadante foi determinada a porcentagem de adsorção através de espectrofotometria a 524 nm, que é o pico de absorbância do corante sem passar por tratamento. Os três fungos estudados apresentaram adsorção entre 47% e 95%, sendo o melhor resultado apresentado pelo isolado P4.177, identificado por taxonomia molecular como pertencente a Ordem Russulales. Os resultados do presente estudo demonstram o potencial desses fungos antárticos para remoção de cor de efluentes têxteis, ajudando a mitigar os efeitos negativos desses poluentes ambientais.

Palavras-chave: Biorremediação, Geleiras, Microbiologia Aplicada.

Agradecimentos: ao CNPq pelo auxílio financeiro (Projeto 407986/2018-9 e Bolsa 130463/2019-1).



DESCOLORAÇÃO E DESTOXIFICAÇÃO DO CORANTE TÊXTIL AZUL INDIGO SULFUROSO PELO FUNGO *Marasmiellus* sp. CBMAI 1062

Elisa Pais Pellizzer¹; Lara Durães Sette¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP- IB Câmpus Rio Claro. *pellizzer.elisa@gmail.com

A indústria têxtil utiliza grandes quantidades de corantes, como o Azul Indigo Sulfuroso (AIS), em seu processo de tingimento. Devido as propriedades e toxicidade dos corantes, as quantidades excedentes devem ser tratadas adequadamente antes do descarte no ambiente. Neste contexto, a biorremediação se apresenta como uma solução efetiva e de baixo custo para o tratamento de corantes têxteis. Os fungos de podridão branca são capazes de produzir enzimas e degradar moléculas complexas, como a lignina e os corantes. Neste estudo, foi utilizado o fungo basidiomiceto de origem marinha *Marasmiellus* sp. CBMAI 1062, com diferentes fontes nutricionais para obter o melhor resultado de descoloração e destoxificação do corante AIS. Nos três tratamentos aplicados foi utilizado 400 mg L⁻¹ de AIS, 3 cilindros de 0,5 cm de diâmetro do fungo crescido em placa com extrato de malte por 7 dias e 168 h de cultivo. No primeiro tratamento foi adicionado 10 g L⁻¹ de sacarose; no segundo 1 g L⁻¹ de ureia, 0,1 g L⁻¹ de KH₂PO₄ e 10 g L⁻¹ de sacarose; no terceiro 2 g L⁻¹ de (NH₄)₂SO₄, 6 g L⁻¹ de extrato de malte e 6 g L⁻¹ de sacarose. Ao término dos experimentos foram analisadas as porcentagens de descoloração, a atividade enzimática de lacase e a porcentagem de destoxificação (inibição do crescimento radicular de *Cucumis sativus* L.). A porcentagem de descoloração obtida no primeiro tratamento foi de 100 %, no segundo 99,10 % e no terceiro 98,67 %. Quanto a atividade da enzima lacase foi possível detectar atividade somente nos dois primeiros tratamentos, sendo 20,29 UI L⁻¹ no primeiro e 6,64 UI L⁻¹ no segundo. Os resultados de toxicidade mostraram porcentagens de inibição do crescimento radicular nos tratamentos 1, 2 e 3 de 30,61 %, 72,46 % e 61,29 %, respectivamente, sendo a porcentagem de inibição do controle de 60,05%. A diminuição da toxicidade foi observada somente no primeiro tratamento. Os resultados obtidos indicam que o melhor tratamento foi o primeiro, ou seja, onde apenas uma fonte de carbono foi utilizada. Provavelmente, a falta de fontes de nitrogênio e fósforo no meio fez com que o fungo precisasse produzir enzimas, a fim de metabolizar o corante e obter esses nutrientes, resultando na descoloração e diminuição da toxicidade do meio. A eficiência do fungo de podridão branca *Marasmiellus* sp. CBMAI 1062 nos diferentes tratamentos evidencia seu potencial para a descoloração e destoxificação do corante AIS e o coloca como um recurso genético microbiano promissor para futuros estudos de biorremediação de corantes e efluentes têxteis.

Palavras-chave: biorremediação; corante têxtil; biotecnologia ambiental

Agradecimentos: FAPESP (2018/12098-9) e CNPq (380294/2019-2)



BASIDIOMICETOS DE SOLO DO RECUO DA GELEIRA COLLINS (ANTÁRTICA): CLASSIFICAÇÃO QUANTO A TEMPERATURA DE CRESCIMENTO E PRODUÇÃO DE ENZIMAS LIGNINOLÍTICAS

Vanessa Lourenço de Souza^{1*}; Igor Vinicius Ramos Otero¹; Juliana Aparecida dos Santos¹; Lara Durães Sette¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, IB-Rio Claro.

*lourencovlds@gmail.com

Os microrganismos que habitam os ambientes antárticos são capazes de produzir enzimas adaptadas ao frio, incluindo as oxidoredutases que possuem potencial para aplicação nos setores ambiental e industrial. Contudo, os trabalhos sobre a produção dessas enzimas por fungos psicrófilos ou psicrotolerantes são escassos. O presente estudo teve como objetivo classificar quatro fungos basidiomicetos isolados do solo de recuo da Geleira Collins (Península Fildes, Ilha Rei George) quanto a temperatura de crescimento e produção de enzimas ligninolíticas. Os isolados foram submetidos a incubação por 7 dias nas temperaturas 5, 10, 15, 20, 25, 30 e 35°C e nos meios de cultura BDA, MA 2% e BSA. Os ensaios foram realizados em triplicata e a área de crescimento em placa foi medida pelo software ImageJ. Os ensaios foram submetidos a análise de variância por ANOVA. Todos os isolados apresentaram 5°C como temperatura mínima de crescimento. O isolado P3.58 (*Schizoplyllum* sp.) apresentou temperatura máxima de crescimento em 35°C e um ótimo entre 25 e 30°C. Os isolados P4.177 (Ordem Russulales), B9.320 (*Pholiota* sp.) e B9.344 (*Pholiota* sp.) apresentaram temperatura máxima de 30°C, com temperatura ótima de 25, 20 e 20°C, respectivamente. Com base nos resultados obtidos o isolado P3.58 foi classificado como mesófilo-psicrotolerante e os isolados P4.177, B9.320, B9.344 como psicrotolerantes. Os isolados P3.58, B9.320 e B9.344 apresentaram melhor crescimento em MA 2%, com diferença significativa ($p < 0,05$) em relação aos demais meios. O isolado P4.177 não apresentou diferença significativa entre os meios testados. Para a análise qualitativa da produção de enzimas ligninolíticas os fungos foram cultivados em caldo malte 2% e meio mínimo-serragem a 15, 20, 25 e 30°C, por 7 dias com agitação a 120 RPM. Após centrifugação dos cultivos, 100 µL dos sobrenadantes foram aplicados em placas contendo ágar-guaiacol 4mM, incubadas a 37°C por 48h. Os fungos P4.177, B9.320 e B9.344 quando cultivados em MA 2% apresentaram halo de oxidação do guaiacol para as temperaturas de 15, 20, 25 e 30°C, indicando presença de enzimas ligninolíticas no caldo. Em meio mínimo-serragem todos os fungos apresentaram halo de oxidação para todas as temperaturas testadas, indicando ser a serragem um bom indutor para a expressão de enzimas ligninolíticas por esses fungos. O presente trabalho destaca os fungos basidiomicetos da Antártica como um importante recurso genético com potencial aplicação biotecnológica.

Palavras-chave: Biotecnologia microbiana; enzimas adaptadas ao frio; extremófilos

Agradecimentos: FAPESP (2019/15776-0) e CNPq (407986/2018-9)



POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO E AGRÍCOLA DE RIZOBACTÉRIAS ISOLADAS DO CERRADO PARA PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL, ATIVIDADE ENZIMÁTICA E ANTIBIOSE

Paulo Henrique Gomes Lisboa^{1,2,*}; Paulo Henrique Marques de Andrade¹;
Paula Cristiane Machado¹; Cristina Paiva de Sousa¹; Paulo Teixeira Lacava¹

¹Laboratório de Microbiologia e Biomoléculas, Departamento de Morfologia e Patologia, Universidade Federal de São Carlos, Rodovia Washington Luís km 235, CEP 13565-905, São Carlos, SP, Brasil

²Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia – PPGBiotec - UFSCar

*E-mail do autor: paulolisboa@estudante.ufscar.br

Solanum lycocarpum St. Hil., planta endêmica do Cerrado, tem sido estudada por suas propriedades medicinais e por conseguir se desenvolver em solos ácidos e pobres em nutrientes, o que pode ser devido, em parte, a sua microbiota associada, que inclui as rizobactérias promotoras de crescimento de plantas (RPCP). As RPCPs proporcionam o desenvolvimento vegetal por meio de vários mecanismos, incluindo a produção de hormônios (como a auxina ácido indolacético [AIA]), fixação biológica de nitrogênio (FBN), solubilização de fosfatos insolúveis e o antagonismo a fitopatógenos. Enzimas e metabólitos secundários bioativos também podem ser obtidos das RPCPs. O presente estudo teve como objetivo isolar, caracterizar e selecionar rizobactérias cultiváveis associadas a *S. lycocarpum* St. Hill. com potenciais aplicações na agricultura, medicina e indústria. Obtivemos 131 isolados bacterianos da rizosfera de 3 indivíduos da espécie *S. lycocarpum* St. Hill. A capacidade de FBN foi avaliada em meio NFb e mostrada por 32,6% dos isolados. Seguindo, 45,8% dos isolados foram capazes de solubilizar fosfato em ágar sólido, com o índice de solubilização variando entre 0 a 4,833. Todos produziram AIA (variando de 0,07 $\mu\text{g.mL}^{-1}$ a 134,1 $\mu\text{g.mL}^{-1}$) em caldo triptona de soja 10% + L-triptofano. Foram exibidas atividades antagônicas contra um espectro de 14 fungos fitopatogênicos de diversas culturas importantes, através do pareamento direto em meio batata-dextrose-ágar. Dois isolados exibiram antibiose a *Candida albicans*, *Escherichia coli* e *Staphylococcus aureus*, pelo método do bloco de ágar. Cerca de 88,4% dos isolados apresentaram ao menos uma das atividades enzimáticas após serem estriados em meios diferentes cujas fontes de carbono eram substratos de enzimas específicas. Os melhores isolados foram identificados pertencentes aos gêneros *Bacillus*, *Burkholderia* e *Microbacterium*. Grande parte dos isolados bacterianos avaliados possuem aplicabilidade em diversas áreas, sendo elegíveis para estudos *in vivo* e, com isso, fica evidenciada a necessidade da preservação do Cerrado o qual, além de grande importância ambiental, constitui reservatório de recursos utilizáveis em benefício da humanidade.

Palavras-chave: Controle biológico; RPCP; *Solanum lycocarpum* St. Hill.

Agradecemos o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - Código de Financiamento 001.



NODULAÇÃO E FIXAÇÃO DE NITROGÊNIO EM *Aeschynomene rudis*.

Tamiris dos Santos Lopes¹; Robert Boddey², Celso Dornelas Fernandes³,
Caroline Bueno Feder²; Jerri Edson Zilli²

¹Graduanda em Agronomia, UFRRJ, tamirisdslopes@gmail.com. ²Pesquisador Embrapa Agrobiologia. ³Pesquisador Embrapa Gado de Corte ⁴Bolsista de Iniciação Científica PIBIC-CNPq, Embrapa Agrobiologia, Graduanda em Agronomia, UFRRJ.

A introdução de leguminosas, como *Aeschynomene*, em cultivos consorciados com gramíneas, demonstra uma forma de elevar a fertilidade do solo pela incorporação de nitrogênio. A ocorrência de nódulos radiculares e caulinares é um fenômeno que tem caracterizado o gênero *Aeschynomene*, que possui um grande potencial para adubação verde, produção de forragem e recuperação de solos degradados. A otimização da fixação biológica de nitrogênio (FBN) em diferentes condições edafoclimáticas, exige um conhecimento maior da dinâmica das populações estabelecidas nas regiões tropicais do nível de especificidade da associação leguminosa x rizóbio, portanto, sendo necessário avaliar e selecionar combinações estirpes-hospedeiros específicas para uso agrônomo, onde seja enfatizada a alta produtividade através de otimização da FBN. O objetivo deste trabalho foi avaliar a capacidade simbiótica de estirpes de *Bradyrhizobium* no processo de fixação biológica de nitrogênio em angiquinho (*Aeschynomene rudis*). O experimento foi conduzido em casa de vegetação por 69 dias, utilizando três estirpes associadas à *Aeschynomene*, BR 5350, BR 5353 e BR 5354, depositadas na coleção de culturas da Embrapa Agrobiologia. Foi constituído de cinco tratamentos, sendo três tratamentos com inoculações das estirpes isoladas de *Aeschynomene*, um controle positivo com adição de nitrogênio e sem inoculação, e um controle negativo sem inoculação e sem N. Utilizou-se vasos Leonard contendo substrato de pedrisco e vermiculita (2:1) e solução nutritiva estéril de Norris modificada (250 mL/vaso) adicionada aos vasos semanalmente até a coleta do experimento. As sementes foram submetidas a um processo de escarificação química e desinfestação, e semeadas seis sementes por vaso, deixando apenas duas após o desbaste. As estirpes foram crescidas em erlenmeyers contendo meio TY líquido e em cada tratamento inoculado foi adicionado 0,5 mL sobre a base da plântula 19 dias após a semeadura (DAS). Após a coleta avaliou-se a presença de nodulação nas raízes, matéria fresca da parte aérea (MFPA), matéria seca da parte aérea (MSPA), matéria fresca dos nódulos (MFN) e matéria seca dos nódulos (MSN). O tratamento inoculado com a estirpe BR 5353 proporcionou melhor resultado quando comparado ao controle absoluto e demais estirpes avaliadas, apresentando massa seca e fresca de parte aérea superior ao tratamento nitrogenado (cerca de 30%), além de significativa nodulação, acima de 80 mg por planta. Portanto, a estirpe BR 5353 apresenta potencial para ser testada como inoculante para o desenvolvimento de inoculantes.

Palavras-chave: angiquinho; fixação biológica de nitrogênio; *Bradyrhizobium*.

Agradecimentos: Embrapa, CNPq pela bolsa de IC e pelo programa INCT (CNPq 465133/2014-2, Fundação Araucária-STI-043/2019, CAPES)



ANÁLISE METATRANSCRIPTÔMICA REVELA NOVOS GENES DE DEGRADAÇÃO E DESTOXIFICAÇÃO DE RBBR EXPRESSOS POR CONSÓRCIO MICROBIANO

Gabriela Alves Licursi Vieira^{1*}; Igor Vinicius Ramos Otero¹; Milene Ferro¹; Valéria Maia de Oliveira²; Lara Durães Sette¹

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP/Rio Claro). ²Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP). *galv_bio@yahoo.com.br

Micro-organismos derivados do ambiente marinho representam um enorme potencial para exploração biotecnológica por serem capazes de expressar biomoléculas com características diferentes das produzidas pelos homólogos terrestres. Uma das possíveis aplicações desses micro-organismos é em processos de biorremediação de corantes têxteis, os quais são compostos orgânicos recalcitrantes com alta toxicidade e de difícil degradação. Com o intuito de identificar os genes expressos durante o processo de degradação do corante azul brilhante de remazol R (RBBR), foi feita uma análise comparativa do metatranscriptoma da melhor condição para a descoloração/destoxificação do corante por um consórcio microbiano e o experimento controle (sem o corante). O consórcio composto por duas bactérias isoladas de reservatório de petróleo (*Bacillus subtilis* CBMAI 707 e *Dietzia maris* CBMAI 705) e dois fungos filamentosos isolados de invertebrados marinhos (*Mucor racemosus* CBMAI 847 e *Marasmiellus* sp. CBMAI 1062) foi capaz de descolorir e destoxificar o RBBR em 86 e 50%, respectivamente. O RNA total das amostras (bioensaio e controle) foi extraído e enviado para a empresa MACROGEN para o sequenciamento (Illumina HiSeq2500, *paired-end* 2x100pb). Após o sequenciamento e a triagem inicial dos *reads*, as bibliotecas foram montadas (*Trinity* 2.2.0) e anotadas (*Blast2GO*) utilizando o banco de dados NR do NCBI. Dentre as 1676 sequências expressas pelo consórcio apenas na presença do corante, 99% foram classificadas em 35 grupos funcionais pertencentes às três categorias da ontologia gênica (nível 2): função molecular, processo biológico e componente celular. Dos genes codificadores para enzimas, o grupo mais abundante (179 genes) foi o relacionado às transferases, seguido por hidrolases (163 genes) e oxidoreduases (153 genes). Dentre estes três grupos, 55 putativos genes expressos podem estar relacionados à descoloração e degradação do RBBR, incluindo peroxidases, dioxigenases, monooxigenases, que são bem conhecidas em diferentes processos de biodegradação, além de enzimas associadas à destoxificação (glioxalases ou glioxalases-like e epóxido hidrolases). As bactérias contribuíram com 22 genes enquanto os fungos com 17, além de compartilharem 16 genes que foram anotados em ambos os bancos de dados. O presente trabalho apresenta um consórcio microbiano marinho como importante recurso genético capaz de expressar genes de degradação e destoxificação de poluentes ambientais.

Palavras-chave: fungos marinhos; xenobióticos, biotecnologia ambiental.

Agradecimentos: FAPESP (2012/12622-3; 2013/19486-0; 2018/12098-9); CNPq (170714/2017-9)



BIORREMEDIAÇÃO DE SOLOS CONTAMINADOS COM ÓLEO DIESEL: ANÁLISE ESTRUTURAL DA COMUNIDADE MICROBIANA

Patricia Giovanella^{1*}, Rodrigo Gouvêa Taketani², Fernando Dini Andreote², Lara Durães Sette¹

¹Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Rio Claro, SP, Brasil

²Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), Universidade de São Paulo (USP), Piracicaba, SP, Brasil

*patricia.giovanella@hotmail.com

O óleo diesel é um poluente recalcitrante, composto por uma mistura de hidrocarbonetos saturados e aromáticos, frequentemente envolvido em derramamentos acidentais, o que o torna uma ameaça aos ecossistemas aquáticos e terrestres. Os efeitos negativos do transporte, produção e comercialização do petróleo e seus derivados têm estimulado o interesse no desenvolvimento de técnicas de remediação destes poluentes orgânicos. Dentre as técnicas utilizadas, a biorremediação é considerada uma alternativa promissora por ser sustentável, eficiente e econômica quando comparada a outras técnicas de remediação. Nesse contexto, o presente estudo visou aplicar diferentes estratégias de biorremediação do óleo diesel e investigar o impacto destas abordagens na estrutura da comunidade microbiana do solo ao longo de 120 dias. Os microcosmos foram montados em frascos de vidro (1.000 mL) contendo solo não esterilizado (250 g) e contaminado artificialmente com 2% de óleo diesel comercial. Para avaliar a biorremediação do óleo diesel foram utilizadas as seguintes estratégias: T1 (atenuação natural), T2 (bioestimulação), T3 (bioestimulação+bioaumentação) e T4 (bioaumentação). Nos experimentos de bioestimulação (T2 e T3) foi utilizado K_2HPO_4 (100 mg por Kg^{-1} de solo) e urea (250 mg por Kg^{-1} de solo), enquanto que para os tratamentos de bioaumentação (T3 e T4) foi utilizado o consórcio microbiano composto pelos fungos *Aspergillus sclerotiorum* CRM 348 e *Cryptococcus laurentii* CRM 707. A degradação do óleo diesel foi monitorada por cromatografia (GC-FID) e a análise da comunidade microbiana foi feita utilizando a técnica de sequenciamento de larga escala Illumina MiSeq. A adição do consórcio fúngico (bioaumentação) associado à bioestimulação (T3) resultou em uma degradação dos HTPs (Hidrocarbonetos Totais de Petróleo) 42% maior do que a obtida na atenuação natural (T1) em 120 dias de biorremediação. Esta condição promoveu aumento da abundância de bactérias e fungos degradadores de hidrocarbonetos. Nossos resultados sugerem que a abordagem de bioestimulação/bioaumentação causou uma diminuição na diversidade microbiana do solo com um aumento concomitante de grupos microbianos específicos, o que pode explicar a redução dos HTPs. Os resultados do presente estudo destacam a relevância do conhecimento da comunidade microbiana para um melhor entendimento da biorremediação de poluentes orgânicos, aprimorando o conhecimento sobre a biorremediação do diesel em solos.

Palavras-chave: fungos marinhos; Antártica; hidrocarbonetos

Agradecimentos: FAPESP (2016/07957-7 e 2016/17488-4) e CNPq (407986/2018-9)



DIVERSIDADE E POPULAÇÃO MICROBIANA EM BIOFERTILIZANTE AERÓBICO FORMULADO COM FARINHA DE PEIXE

Alexandre Visconti¹

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - EPAGRI. E-mail: visconti@epagri.sc.gov.br.

Sistemas de produção sustentáveis requerem constante atualização das estratégias adotadas para o manejo integrado da lavoura. O biofertilizante aeróbico formulado com farinha de peixe enquadra-se como uma estratégia promissora. Espera-se, ao final do processo fermentativo do biofertilizante, a produção de uma matriz contendo alta carga de comunidades microbianas associadas à promoção do crescimento de plantas através da síntese de hormônios e ao antagonismo a fitopatógenos pela enzima quitinase estimulada pelo insumo marinho. O objetivo deste trabalho foi determinar a população e a diversidade de bactérias totais (BT), *Bacillus* sp. (BC), actinobactérias (AC), leveduras (LV), fungos filamentosos (FF) e *Trichoderma* sp. (TR) presentes em biofertilizante aeróbico formulado com farinha de peixe. Para o preparo de 100 litros do biofertilizante foi adotado a fórmula: 94 litros de água; 1,0 Kg de composto orgânico; 2,0 kg de farelo de arroz; 1,0 Kg de torta de mamona; 0,5 Kg de açúcar; 0,5 Kg de amido de mandioca e 0,5 L da farinha de peixe (Kenya Pescados, Itajaí-SC). O processo de fermentação foi a 28°C com aeração a cada 15 min por 8 dias. Ao final do processo de fermentação foi coletado uma alíquota de 1 L do biofertilizante para a determinação das comunidades microbianas. Foi utilizada a técnica de diluição seriada, onde alíquotas de 1 mL do biofertilizante foram transferidas para tubos de ensaio contendo 9 mL de água esterilizada até a décima oitava diluição. Alíquotas de 100 µL foram transferidas para cinco placas de Petri de 9 cm contendo meio de cultura para cada microrganismo, seguido da semeadura com alça de Drigalski. Para BT foi utilizado o meio 523; para *Bacillus* sp., alíquotas dos biofertilizantes foram tratadas em banho-maria a 80 °C por 20 minutos, para posterior diluição seriada e semeadura em meio Batata-Dextrose-Ágar (BDA); as actinobactérias cresceram em meio Ágar-Amido-Caseína (ACA), para leveduras o meio YMA e para determinação de fungos totais e *Trichoderma* sp., foi utilizado o meio de Martin. As placas foram mantidas em câmara de crescimento a 27 °C e após 24 horas de incubação, e sob lente de oito aumentos foi realizada a contagem de colônias. Após a contagem cada microrganismo com características individuais de crescimento, formato, cor e altura foi isolado. No biofertilizante foi determinada a população total de $1,5 \times 10^{13}$ UFC mL⁻¹ assim distribuída: BT $1,5 \times 10^{13}$; BC $5,7 \times 10^9$; AC $2,6 \times 10^{11}$; LV $6,5 \times 10^8$; FT $5,2 \times 10^4$ e TR $3,3 \times 10^4$. Da população foram isolados 204 microrganismos distribuídos nos grupos microbianos: BT 92; BC 15; AC 39; LV 17; FT 32 e TR 9. O biofertilizante aeróbico formulado com insumo marinho foi eficiente na produção das comunidades microbianas em estudo.

Palavras-chave: controle biológico; supressividade; fermentação aeróbica.

Agradecimentos: a Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina - FAPESC.



IDENTIFICAÇÃO DA BACTÉRIAS MARINHAS COM POTENCIAL BIORREMEDIADOR

Roberta A. Merguizo Chinellato¹; Bruna Del Busso Zampieri²; Vanessa Andrade Costa²; José Augusto de Souza²; Mirella Massonetto²; Eliete Ballesteros¹; Roberto Fioravanti Carelli Fontes¹; Ana Julia Fernandes Cardoso de Oliveira¹

¹ Campus do Litoral Paulista, Laboratório de Microbiologia Marinha, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista - UNESP.

² Campus Rio Claro, Laboratório de Microbiologia Marinha, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista - UNESP.

E-mail: robmerguizo@yahoo.com.br

A biodiversidade encontrada no ecossistema marinho ainda permanece em grande parte inexplorada e subutilizada. A investigação sobre os recursos genéticos da biodiversidade marinha agrega novas informações à biotecnologia. Vários grupos de microrganismos são capazes de degradar hidrocarbonetos, incluindo compostos aromáticos. A presença de bactérias em grande número em sedimentos estuarinos pode indicar a existência de contaminação por hidrocarbonetos. A obtenção de cepas degradadoras a partir de locais contaminados tem sido proveitosa, pois tais ambientes favorecem a ocorrência e a manutenção de espécies mais adaptadas aos contaminantes e, tanto as densidades quanto a diversidade bacteriana estão relacionadas com a contaminação, como é o caso do estuário de Santos – SP. O trabalho teve como objetivo isolar e identificar por técnica de 16S, bactérias heterotróficas presentes no sedimento do estuário de Santos- SP. Amostras de sedimento foram coletadas, processadas e inoculadas em Ágar Nutriente utilizando a técnica de *Spread Plate*. Foram selecionadas 20 cepas com características morfológicas distintas para identificação molecular, o DNA extraído foi analisado e quantificado em gel de agarose e em seguida à amplificação do gene. A análise de distância foi feita com base na região 16S rDNA. Cada sequência obtida foi alinhada às sequências semelhantes (selecionadas pela busca no BLASTn da base de dados do NCBI (*National Center of Biotechnology Information*)). As espécies identificadas foram 3 *Bacillus licheniformis*, 2 *Bacillus pumilus*, 2 *Bacillus subtilis*, 2 *Bacillus cereus*, 3 *Staphylococcus sp.*, 1 *Vibrio aestuarianus*, 1 *Vibrio paraeemolyticus*, 1 *Enterococcus sp.* e 1 *Pantoea sp.* Das cepas identificadas a maior quantidade é do gênero *Bacillus*, as demais cepas isoladas não foi possível identificar por problemas na extração do DNA genômico. Algumas espécies de *Bacillus* são descritas como degradadoras de hidrocarbonetos e formadoras de esporos, o que facilita sua permanência e dominância em sedimentos contaminados por muito tempo. Pela predominância do gênero *Bacillus*, conclui-se que o ambiente apresenta uma alta concentração de contaminantes.

Palavras-chave: Bactérias heterotróficas, *Bacillus*, 16S.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES).



EFEITO DA INOCULAÇÃO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DE *Coffea arabica* L. COM POTENCIAL PARA PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL

Paulo Henrique Marques de Andrade^{1*}; Paula Cristiane Machado¹; Paloma Bequima Borato Cruz²; Joyce Dória Rodrigues Soares³; Carlos Henrique Siqueira de Carvalho²; Cristina Paiva de Sousa¹; Paulo Teixeira Lacava^{1*}

¹Laboratório de Microbiologia e Biomoléculas - Universidade Federal de São Carlos.

²Laboratório de Biotecnologia – EMBRAPA Café. ³Laboratório de Microbiologia – Universidade Federal de Lavras. *pauloandrade@ufscar.br

As bactérias endofíticas possuem uma íntima interação com as plantas e são capazes de promover o seu crescimento. A utilização dessas bactérias em algumas etapas da produção agrícola pode levar a aumento significativo da produtividade ou a redução de insumos; tais como adubos nitrogenados. Para a inoculação em plântulas de café foram selecionados dez isolados bacterianos endofíticos, considerando a caracterização bioquímica “*in vitro*” realizada previamente, em relação ao potencial de promoção de crescimento vegetal. O experimento consistiu de 11 tratamentos, sendo 1 controle (T0) e 10 tratamentos com os seguintes inóculos: CRM 162 – *Erwinia bilingiae* (T1); CRM 202 – *Kosakonia cowanii* (T2); CRA 241 – *Enterobacter tabaci* (T3); CRA 250 – *Enterobacter tabaci* (T4); CRA 298 – *Pantoea brenneri* (T5) provenientes do café de cultivo convencional; e de OFR 175 – *Lysinibacillus mangiferihumi* (T6); OFR 176 – *Lysinibacillus mangiferihumi* (T7); OFR 164 – *Klebsiella pneumoniae* (T8); OFO 340 – *Enterobacter bugandensis* (T9); ORM 326 – *Klebsiella michiganensis* (T10). Todos os tratamentos constaram de 8 repetições com aplicações quizenais, sendo que o T0 foi inoculado somente com o tampão PBS. Após 180 dias da primeira inoculação, foram avaliadas as variáveis: altura da parte aérea (APA), comprimento do sistema radicular (CSR), diâmetro do caule (DC), peso seco da parte aérea (PSPA) e o peso seco do sistema radicular (PSSR) e foi possível observar que todos os tratamentos de plantas inoculadas com exceção do tratamento T3 provocaram a redução da (APA) em relação as plantas do grupo controle. Para CSR, todos os tratamentos diferiram significativamente do controle, apresentando um aumento do comprimento do sistema radicular de 77,76%, em média. Para as variáveis DC, PSPA, PSSR e análise de macro e micronutrientes no tecido foliar, foi possível observar que nenhum dos tratamentos diferiram significativamente do controle. Todas as análises estatísticas foram realizadas considerando $p \leq 0,05$. A análise de componentes principais demonstrou que CSR explicou 99% da variação total das características morfológicas observadas; ou seja, as linhagens bacterianas utilizadas foram capazes de promover crescimento das plântulas de café.

Palavras-chave: Endófitos; Fixação biológica de nitrogênio; Solubilização de fosfato, Ácido indol acético.

Agradecimentos: (CAPES) – Código de Financiamento 001



MICROBIAL GENETIC RESOURCES LABORATORY: AN INSTRUMENT FOR FOOD SECURITY IN MEXICO

Ismael Fernando Chávez Díaz¹; Lily Xochilt Zelaya Molina¹; Ramón Ignacio Arteaga Garibay¹.

¹Centro Nacional de Recursos Genéticos, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. *chavez.fernando@inifap.gob.mx.

The National Center for Genetic Resources (CNRG) is part of the Mexican Government's strategy for food security. The Microbial Genetic Resources Laboratory (MGRL) focuses in add economic, scientific and industrial value to microbial resources aiming for conserve and develop technological applications to improve productivity in the agri-food sector in Mexico. Through NGS technologies, microbial profiles of specific events are described and analyzed. This information is the basis for the isolation, preservation and characterization of strains useful in the development of biotechnologies that meet the needs of agri-food producers. In this context, the microbial communities associated to forage maize from Los Altos de Jalisco area were studied and population dynamics under silage process were described aiming to improve silage quality; simultaneously, fluorescent *Pseudomonas* strains capable to promote maize growth and health were isolated and evaluated aiming to develop biological products. In other studies, the main bacterial communities involved in the development of the flavor, texture and aroma of the endemic "Adobera" cheese were identified, which allowed improving the production process and the quality of the final product without losing its authenticity. The isolated lactic-acid bacterial strains were used in the development of a food prebiotic for pig cattle that allow the easy degradation of excreta and its rapid incorporation into the environment as an innocuous product, reducing the contamination caused by this waste. Under the same approach, strains of *Pseudomonas*, *Bacillus* and *Enterobacter* capable to promote growth and health of garlic meristems produced in vitro were obtained allowing producing healthy and resistant garlic explants. Moreover, plant pathogens from *Fusarium* genus none reported in Mexico were found causing ear rot disease in Mexican maize landraces as well as their biological control agents demonstrating high potential to control maize fungal phytopathogens. In addition, diagnosis tests were developed for *Trichomonas foetus*, *Leptospira interrogans*, *Campylobacter fetus*, *Brucella abortus*, *Mycobacterium tuberculosis* and Bovine diarrhea virus (BDV), aiming the preventive diagnosis of these etiological agents of diseases in bovines. The MRGL contributes to the conservation and responsible use of microbial resources in Mexico, and, opens to a global context by collaborating with other institutions for the development of strategies aiming the preservation of microbial resources.

Key words: Mexican Agri-food sector; microorganisms-based technologies; clean agricultural production.



ISOLAMENTO DE BACTÉRIA DO GÊNERO *Bacillus* DE REJEITO DE MINERAÇÃO E SEU POTENCIAL PARA BIORREMEDIAÇÃO

Thaiane Defalco^{1*}; Ana Luisa S. Vasconcelos¹; Kattia Nuñez-Montero²; Angelo F. Bernardino³; Fernando Dini Andreote¹

¹Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

²Universidade de La Frontera. ³Universidade Federal do Espírito Santo.

*thaiecology@gmail.com

A contaminação ambiental ocasionada por atividades antrópicas, provoca alterações no funcionamento e nas estruturas das comunidades presentes no meio ambiente, modificando profundamente diversos ecossistemas existentes em todo o mundo. Dentre essas atividades, a indústria de mineração se destaca pelos desastres ambientais e socioeconômicos. As recidivas emissões e o acúmulo do rejeito com contaminantes, como metais pesados, comprometem os ecossistemas, pois os metais pesados em altas concentrações causa toxicidade, persistência, bioacumulação e biomagnificação. Certos microrganismos podem resistir à toxicidade de metais pesados em altas concentrações. O impacto que os metais causam na comunidade microbiana torna-se um tópico proeminente frente a preocupação ambiental, devido sua importância no funcionamento do ecossistema, no ciclo biogeoquímico e na particularidade do microbioma presente em ambientes estuarinos. O objetivo do trabalho foi identificar genes de resistência a metais pesados em bactéria isolada de ambiente contaminado com rejeito de mineração. Este estudo selecionou uma área estuarina contaminada por rejeito de mineração com altas concentrações de metais pesados proveniente do rompimento da barragem de rejeito em Mariana-MG em 2015. Através de métodos dependentes de cultivo, isolamos uma bactéria que foi exposta a variadas concentrações de diferentes metais pesados. Apresentando resistência às concentrações mais alta dos metais pesados, foi realizado o sequenciamento genômico que mostrou que a bactéria trata-se do gênero *Bacillus* sp. Os resultados encontrados permitiu identificar genes possivelmente envolvidos na resistência a metais pesados (por exemplo cobre, zinco, cádmio e cobalto). Bactérias que estão presente nesses ambientes contaminados, passam por pressões seletivas e desenvolvem mecanismos que podem ser utilizados como bioindicadores. Visando o desenvolvimento de ferramentas para a remediação de áreas impactadas por rejeito de mineração contendo metais pesados, vemos a necessidade de compreender como microrganismos poderiam colaborar na restauração de ambiente estuarinos. Encontrar microrganismos resistentes que foram expostos a esse tipo de toxicidade se torna ainda mais relevante, aumentando a chance de isolamento de bactérias potenciais para aplicações biotecnológicas, visando a remediação e recuperação de áreas contaminadas por metais.

Palavras-chave: Genes de resistência; Metal Pesado; Biorremediação

Agradecimentos: CAPES-FAPEMIG-FAPES-CNPq-ANA N° 6/2016 - Apoio a Redes de Pesquisa para Recuperação da Bacia do Rio Doce



***Streptomyces* sp. UMA FÁBRICA DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS**

Rene Flores Clavo^{1,2}; Nataly Ruiz Quiñones²; Fabiana Fantinatti Garboggini³; Jonas Henrique Costa⁴, Taícia Pacheco Fill⁴.

¹Centro de Investigação e Inovação em Ciências Ativas Multidisciplinares-CIICAM.

²Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil. ³Centro Pluridisciplinar de Pesquisas Químicas, Biológicas e Agrícolas (CPQBA), Universidade Estadual de Campinas, Paulínia, SP, Brasil; ⁴Instituto de Química, Universidade Estadual de Campinas, SP, Brasil *Email do autor apresentador: renefloresclavo@gmail.com.

Compreender os extremófilos e sua utilidade em biotecnologia implica estudar seu habitat, suas adaptações fisiológicas e bioquímicas e seus mecanismos para a produção de biocatalisadores, num ambiente ainda pouco explorado. Cabo Frio (RJ - Brasil) tem 402 anos de história contada desde a 'descoberta' dos portugueses com poucos estudos relatados na busca de micro-organismos extremófilos, por outro lado na zona norte do Peru há lugares desérticos onde as altas temperaturas promoveram o estabelecimento de solos arenosos e dunas onde ocorrem lagoas salinas de origem marinha que datam da era quaternária. O objetivo do presente trabalho foi comparar duas linhagens de *Streptomyces* sp. 796.1 isolada de uma estrela marinha em Cabo Frio e outra *Streptomyces* sp. B-81 isolada do sedimento de uma lagoa salina de Bayovar do norte do Peru, usando a metodologia de redes moleculares através da plataforma *online Global Natural Product Social Molecular Networking* (GNPS), baseada na procura de compostos na base de dados do GNPS e agrupamento de moléculas semelhantes mediante o uso de espectros MS/MS obtidos a partir dos extratos bioativos destes dois micro-organismos. Para a busca no banco de dados e criação da rede molecular empregou-se como parâmetros tolerância de massa parental e de íon de fragmentos de 0.02 Da, cosseno acima de 0.5 e fragmentos em comum acima de 5. Os espectros MS/MS na rede foram então pesquisados nas bibliotecas espectrais onde os metabólitos foram identificados com um acerto no banco de dados no GNPS ou manualmente identificados por análises de massa com erros abaixo de 5 ppm. Dentro dos compostos identificados na bactéria marinha *Streptomyces* sp. 796.1 está o Harmane com atividade antiviral, Monensin e Piericidin A1 com atividade antibiótica, Grisorixin e Asperhenamate com atividade antiproliferativa, e Bimatoprost com atividade vaso dilatadora. Em contrapartida, os compostos caracterizados para a *Streptomyces* sp. B-81 das salinas de Peru estiveram o ácido cólico, que está reportado como um agente antimicrobiano, as Lobofoquinas A, B, E e K, que apresentam atividades anti-inflamatórias, antibacteriana e antitumorais, além de um sexto composto do tipo Furano com atividade antitumoral. O gênero *Streptomyces* apresenta uma ampla distribuição na expressão de metabólitos secundários com amplas aplicações farmacêuticas que refletem sua adaptação ao ambiente de origem, conforme observado neste estudo. Portanto, a busca de novos metabólitos em ambientes pouco explorados pode revelar novas moléculas com potencial para aplicação em diferentes áreas da biotecnologia.

Palavras-chave: *Streptomyces* sp; micro-organismos extremófilos; metabólitos secundários; comparação e caracterização; redes moleculares.



POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E RIZOSFÉRICAS DE *Paspalum atratum* NA SOLUBILIZAÇÃO DE FOSFATO

Ailton Ferreira de Paula^{1*}; Felipe de Paula Nogueira Cruz¹; Naiana Barbosa Dinato¹; Amanda Carolina Prado de Moraes¹; Alberto Carlos de Campos Bernardi²; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Alessandra Pereira Fávero²; Paulo Teixeira Lacava¹.

¹Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP, Brasil. ²Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos, SP, Brasil. *E-mail do autor apresentador: ailtonfp_biológ@yahoo.com.br

O fósforo é um elemento essencial no desenvolvimento das plantas. Contudo, determinadas rochas fosfáticas apresentam formas inacessíveis de fósforo às plantas. Uma possibilidade de otimização do uso de fertilizantes industrializados seria utilizar Bactérias Solubilizadoras de Fosfato (BSF) para disponibilizar às plantas, o fósforo localizado nas rochas. O *Paspalum atratum* é uma espécie conhecida pelo seu potencial forrageiro. Vários genótipos dessa espécie estão conservados no BAG *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste. De um deles, BGP 308, foram isoladas 43 bactérias com potencial *in vitro* para BSF. Este trabalho teve por objetivo avaliar, em condições *in vivo*, o potencial das BSF em plantas de *P. atratum*. Para isso, oito isolados de bactérias, pertencentes aos gêneros *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Bacillus* e *Pantoea*, foram selecionadas. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, com delineamento em blocos casualizados, com três repetições e em esquema fatorial 8 x 3 + 1. Foram utilizados quatro tipos de preparo de solo: (1) sem adição de fósforo (SFO) ou suplementados com (2) fosfato solúvel (FSO), (3) fosfato sedimentar (FSE) ou (4) fosfato cristalino (FCR). Cariopses foram germinadas em meio de cultura Murashige & Skoog após desinfecção superficial. As plântulas com 14 dias após germinação (DAG) foram transplantadas para vasos e receberam seis inoculações de suspensão bacteriana (10^9 UFC/mL) em intervalos de 15 dias. Aos 107, 132 e 147 DAG, a parte aérea da planta foi pesada, secada, moída e enviada para análise mineral. Dentre os tratamentos SFO que receberam BSF, sete deles foram superiores ao controle ($4,96 \text{ g kg}^{-1}$), sendo $9,45 \text{ g kg}^{-1}$ em BSFO458 (*Pseudomonas* spp.) o maior valor encontrado. Em tratamentos com FSE, quatro deles foram superiores ao controle ($5,18 \text{ g kg}^{-1}$), sendo $15,99 \text{ g kg}^{-1}$ em BFSE109 (*Bacillus* spp.) o maior valor encontrado. Em tratamentos com FCR, seis deles foram superiores ao controle ($5,63 \text{ g kg}^{-1}$) e sendo $9,00 \text{ g kg}^{-1}$ em BFCR105 (*Pseudomonas* spp.) o maior valor encontrado. Em tratamentos com FSO, sete deles foram superiores ao controle ($24,67 \text{ g kg}^{-1}$), sendo $47,18 \text{ g kg}^{-1}$ em BFSO103 (*Enterobacter* spp.) o maior valor encontrado. Foi possível encontrar bactérias solubilizadoras de fosfato com potencial para otimizar o uso do fosfato solúvel, cristalino e sedimentar *in vivo*.

Palavras-chave: Fósforo; Rocha fosfática; Recursos genéticos.

Agradecimentos: A Embrapa (projeto no. 11.15.02.002.05.12.006) e Bolsa CAPES.



BACILLUS SP. BS34B FROM SABAL YAPA (WRIGHT EX BECC.) SEEDS, A PONTENCIAL BIOCONTROL BACTERIA AGAINST *FUSARIUM* SPP. CAUSING ROTS IN MAIZE (*ZEA MAYS* L.)

Lily X. Zelaya-Molina¹, Carlos I. Cruz-Cárdenas¹, Jairo E. Guerra-Camacho^{1,2}, Mario Blanco-Camarillo^{1,3}, Ramón I. Arteaga-Garibay¹, Ismael F. Chávez-Díaz¹.

¹Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. ²Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-IPN. ³Universidad Tecnológica de Tecamachalco.
lilyzelayam@yahoo.com.mx

Fusariosis is one of the main diseases of maize that generates high commercial losses worldwide, is caused by strains of different *Fusarium* (Link ex Grey) species complexes; however, studies of biocontrol agents have created high expectations for the implementation of sustainable alternatives to control this plant disease, through different mechanisms of the antagonistic microorganisms. The endosphere of tree species of tropical forests, as the palm *Sabal yapa* (Wright ex Becc.), are a biodiverse and dynamic environment that represent a potential reservoir of bacteria capable to exert biocontrol against different plant-pathogenic species of *Fusarium*. The evaluations of 21 endophyte bacterial strains isolated from seeds of *S. yapa*, showed that the bacterial strain *Bacillus* sp. BS34b, as identified by the phylogenetic analysis of the 16S rRNA gene, was able to inhibit the growth of maize pathogenic strains belonging to *F. fujikuroi*, *F. incarnatum-equiseti*, *F. oxysporum*, and *F. sambusinum* species complexes, up to 60-90% on dual cultures on PDA. Additionally, the strain *Bacillus* sp. BS34b is presumptively safety to humans, animals and plants, as was indicated by the evaluations of production of DNAase, hydrolysis of gelatin, lipases, amylases, proteases, celulasas, siderophores, solubility in bile, coagulase, and plant pathogenicity tests, following standard methodologies. In this way, the evaluations suggest that the bacterial strain *Bacillus* sp. BS34b can be used as biological control of phytopathogenic *Fusarium* species in maize crop; as well, plant species of non-disturbed natural areas are good reservoirs of biocontrol agents.

Palavras-chave: Biocontrol agents; *Bacillus*; *Fusarium*.



AVALIAÇÃO DE DUAS LINHAGENS DE *Komagataella phaffii* NA EXPRESSÃO HETERÓLOGA DE UMA NOVA LACASE DE ORIGEM MARINHA

Igor V.R. Otero^{1*}; Livia B.B. de Paiva²; Fábio M. Squina³; Rafaella C. Bonugli-Santos⁴; Henrique Ferreira¹; Volker Sieber⁶; Lara D. Sette¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”. ²Laboratório Nacional de Ciência e Tecnologia do Bioetanol. ³Universidade de Sorocaba. ⁴Universidade Federal da Integração Latino-Americana. ⁵Technical University of Munich
*igor_otero@hotmail.com.br

O fungo de origem marinha *Peniophora* sp. CBMAI 1063 é um recurso genético brasileiro que representa uma nova fonte para produção de lacase, visto que possui a capacidade de produzir grandes quantidades de lacase em meio salino. Estudos de genômica e transcriptômica revelaram que o fungo é capaz de expressar 18 genes diferentes de lacase no meio otimizado para obtenção da enzima. O presente estudo teve como objetivo obter por expressão heteróloga uma das novas proteoformas de lacase expressas por esse fungo. O gene que codifica a lacase Pnh-Lcc1 foi clonado no vetor de expressão pPIC9 (Invitrogen) e transformado em duas linhagens de *K. phaffii* (KM71 e GS115). A análise de expressão foi feita em meio mínimo tamponado (pH 6) com indução por 0,5% de metanol a cada 24h. A incubação foi feita a 25°C, 200 RPM por 120h. Ambas as linhagens apresentaram maior expressão da enzima heteróloga após 120h de cultivo (KM71 = 2,1 U/L⁻¹ e GS115 = 4,6 U/L⁻¹). Com o intuito de aumentar a expressão, um planejamento experimental do tipo delineamento composto central rotacional (DCCR) foi proposto para a análise de duas variáveis adicionais ao meio mínimo: D-sorbitol (0; 0,73; 2,5; 4,27 e 5%) e casaminoácidos (0; 0,15; 0,5; 0,85 e 1%). Novamente, as linhagens apresentaram maior atividade enzimática após 120h (KM71 = 103 U/L⁻¹ e GS115 = 81 U/L⁻¹). A análise de regressão por ANOVA demonstrou que D-sorbitol afetou positivamente (regr=17,7 e p=0,001) a expressão da enzima por KM71 até 72h de cultivo, enquanto casaminoácidos afetou negativamente a expressão até 48h (regr=-6,23 e p= 0,03). Casaminoácidos pode ter bloqueado o promotor AOX1, ao qual a proteína heteróloga está submetida. Para GS115 apenas a variável casaminoácidos afetou positivamente a expressão da enzima heteróloga após 120h de cultivo (regr=14,5 e p=0,03). GS115 é uma linhagem que mantém genes de proteases intactos (em KM71 esses genes foram deletados), nesse sentido a presença de casaminoácidos pode ter inibido a atividade das proteases após 120h de cultivo. O presente trabalho apresenta KM71 como a linhagem de *K. phaffii* mais adequada para a expressão heteróloga de Pnh_lcc1. Estudos adicionais serão conduzidos visando a obtenção da enzima em escala de biorreator, purificação e aplicação da enzima purificada em processos de degradação de poluentes ambientais.

Palavras-chave: enzimas ligninolíticas; DCCR; biotecnologia marinha.

Agradecimentos: CNPq (170714/2017-9), CAPES (88887.467275/2019), FAPESP (2018/12098-9)



Caracterização funcional de genes do cluster biossintético de cosmomicina D em *Streptomyces olindensis* DAUFPE 5622

Luana Cunha¹; Leandro M. Garrido¹; Marcelo J. Pena Ferreira²; Carlos Olano³; José A. Salas³; Gabriel Padilla^{1*}

¹Laboratório de Bioprodutos, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil. ²Laboratório de Fitoquímica, Departamento de Botânica, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil. ³Laboratório de Biossíntese de Compostos Bioativos por Microrganismos, Departamento de Biologia Funcional, Universidade de Oviedo, Oviedo, Espanha. *gpadilla@icb.usp.br

O gênero *Streptomyces* é constituído por mais de 500 espécies, sendo o maior dentro do filo *Actinobacteria*. Dentre os inúmeros compostos produzidos por *Streptomyces*, destacam-se os policetídeos devido ao amplo espectro de atividades biológicas como antibacteriana, antifúngica, antitumoral e antiviral. Os policetídeos são compostos que apresentam ampla diversidade estrutural incluindo as antraciclinas. As antraciclinas são uma importante classe de antibióticos antitumorais e podem apresentar uma grande variedade estrutural decorrente de modificações pós-PKS e na aglicona. Entre estas modificações, a glicosilação da aglicona é uma reação catalisada por glicosiltransferases (GTs). Os açúcares são importantes na atividade biológica e podem ter influência na farmacocinética e farmacodinâmica do composto. Nesse contexto, a cosmomicina D, produzida por *Streptomyces olindensis* é interessante por apresentar um dos padrões de glicosilação mais complexos entre as antraciclinas, com duas cadeias de trissacarídeos ligadas nas posições C-7 e C-10 da aglicona. Face ao exposto, a elucidação da biossíntese de cosmomicina D e a caracterização funcional das glicosiltransferases e proteínas auxiliares envolvidas neste mecanismo contribuirá com o objetivo de oferecer alternativas inovadoras de tratamentos clínicos. Os genes de *S. olindensis* **cosT** (WP_037757725.1 cytochrome P450), **cosT2** (WP_037757696 .1 hypothetical protein) e **cosG2** (WP_037757699.1 glycosyltransferase) estão sendo estudados para entender o envolvimento dos açúcares na atividade do composto. Por técnicas de biologia molecular, mutantes nulos para estes genes em *S. olindensis* foram obtidos para elucidar o mecanismo de glicosilação da aglicona. As análises dos resultados por cromatografia líquida acoplada a espectrometria de massas (HPLC-MS) evidenciam a diferença no perfil dos cromatogramas da cepa selvagem em relação as cepas mutantes, indicando a importância desses genes na biossíntese da cosmomicina D, uma vez que, na ausência de qualquer um dos genes, o composto final não é formado. O entendimento dos mecanismos enzimáticos é importante para o desenvolvimento de novos compostos com perfil terapêutico melhorado.

Palavras-chave: cosmomicina D; antraciclinas; *Streptomyces*.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES).



ANÁLISE DA BIOSSÍNTESE DE MOLÉCULAS ANTITUMORAIS POR *Streptomyces* sp. COM BASE EM MINERAÇÃO GENÔMICA

Vida Marina Barreto Leite¹; Leandro Maza Garrido¹; Marcelo José Pena
Ferreira²; Leticia Veras Costa-Lotufo³; Gabriel Padilla¹

¹Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo. ²Departamento de Botânica, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo. ³Departamento de Farmacologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo. *vidambl@usp.br

O gênero *Streptomyces* é reconhecido como uma prolífica fonte de bioprodutos e, há décadas, seu metabolismo tem sido explorado para o desenvolvimento de moléculas industrialmente úteis. Estudos precedentes demonstraram por meio da metabolômica a atividade antitumoral do extrato bruto de BRB081, uma linhagem isolada de sedimentos marinhos coletados na Praia do Araçá, SP. A citotoxicidade relatada foi atribuída às surugamidas e a possíveis outras estruturas não caracterizadas, pretendendo mais esclarecimentos. O presente trabalho propôs-se, portanto, a conduzir por mineração genômica a análise do potencial metabólico desta bactéria no que concerne à biossíntese de antitumorais. Para tal, o DNA genômico de *Streptomyces* sp. BRB081 foi extraído (Kit Wizard® Genomic DNA Purification) e sequenciado (HiSeq System); em seguida, um *pipeline* de montagem foi executado através dos *softwares* Geneious R11, MEGA X, MeDuSa 1.6, gVolante 1.2.1; e, finalmente, o AntiSMASH 5.0 foi empregado para a predição de agrupamentos gênicos biossintéticos de metabólitos secundários (BGCs). Como resultado, 18 *scaffolds* foram montados, compreendendo uma sequência contígua capaz de cobrir 96,54% de todo o genoma. Nesta sequência, 23 BGCs foram anotados, incluindo 4 regiões fortemente correlacionadas à produção de ectoína, desferrioxaminas, surugamidas e sibiromicina, que concorrem à atividade citotóxica observada no extrato desta linhagem. Enquanto os BGCs putativos de ectoína e desferrioxaminas são inteiramente correspondentes a outros BGCs de mesmo tipo já descritos, as regiões dedicadas à biossíntese de surugamidas e sibiromicina apresentam particularidades. A análise *in silico* do BGC putativo de surugamidas corrobora a biossíntese de variantes inéditas desta classe estrutural, sugeridas em estudos anteriores; a validação experimental é necessária, no entanto. A composição gênica encontrada no BGC putativo de sibiromicina é também relevante, visto que pequenas alterações na via biossintética de um metabólito secundário são capazes de modular sua atividade biológica e/ou toxicidade. Além disso, a presença de um BGC de sibiromicina em estreptomicetos nunca antes foi mencionada. Para mais, os dados reunidos expressam a importância da integração de diferentes abordagens metodológicas, a ver genômica e metabolômica, para a obtenção de conclusões mais robustas não alcançadas sob uma única interpretação.

Palavras-chave: *Streptomyces*; Antitumoral; Genômica.

Agradecimentos: à FAPESP, à CAPES.



SELEÇÃO DE ISOLADOS BACTERIANOS PROMOTORES DO CRESCIMENTO VEGETAL PROMISSORES PARA A ACELERAÇÃO DA RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS DE CAATINGA

Andreza de Freitas Nunes Oliveira¹; Lara Isensee Saboya de Sousa¹; Vanessa Ariane Silva da Costa¹; Lara Andrade Lucena Lima¹; Vânia Maria Maciel Melo¹

¹Universidade Federal do Ceará. andreza.freitasn@gmail.com

A desertificação é caracterizada pela degradação de terras áridas, semiáridas e subúmidas secas, causada por fatores climáticos e atividades antrópicas. No Brasil, 60% da região semiárida é considerada suscetível à desertificação e, no Ceará, o município de Irauçuba é o mais afetado pelo processo. Os microrganismos podem ser uma ferramenta para a restauração dessas áreas, já que atuam em diversos processos do solo. Assim, o objetivo do estudo foi avaliar as atividades metabólicas de isolados de solos em três diferentes estados de conservação no município de Irauçuba: a) solos de mata secundária de caatinga; b) solos de área de exclusão de pastagem ou pousio, isoladas desde o ano 2000; c) solos de áreas de pastejo intenso. A coleta dos solos foi realizada no ano de 2018 e destes foram isoladas 125 estirpes de bactérias. Os isolados foram testados quanto a Promoção de Crescimento Vegetal e os isolados selecionados como promissores foram identificados molecularmente por amplificação do gene rRNA 16s e posterior sequenciamento e análise filogenética. Foram feitos ensaios de produção de sideróforos, utilizando meio ágar-CAS, e solubilização de fosfato, utilizando meio GL com adição de K₂HPO₄ e CaCl₂. Os isolados positivos para um ou ambos os ensaios foram testados para fixação de nitrogênio, utilizando o meio semissólido LGI-P livre de nitrogênio e halotolerância, utilizando meio TGE com concentrações salinas de 0,9%, 2%, 4%, 6%, 8% e 10% de NaCl. A área nativa apresentou a maior porcentagem de solubilizadores de fosfato, em contraste, no solo de deserto, foi percebida a menor porcentagem. Cerca de 50% dos isolados produziram sideróforos, independente da área. Os isolados da área de pousio obtiveram a melhor qualidade da produção de sideróforos e solubilizadores de fosfato, apresentando maior produção média. Pelo menos 60% dos isolados, independente da área, fixaram nitrogênio e todos os isolados foram considerados halotolerantes. Dezesesseis isolados foram selecionados por apresentarem excelentes resultados para todas ou parte das atividades metabólicas testadas. Esses isolados pertencem aos gêneros: *Klebsiella*; *Serratia*; *Enterobacter* e *Burkholderia*. Visa-se futuras aplicações desses isolados em bioinoculantes que possam acelerar a recuperação dos ambientes degradados de Irauçuba-CE e mitigar o avanço do processo de desertificação no município.

Palavras-chave: Bioinoculante; Desertificação; Promotores de Crescimento Vegetal.

Agradecimentos: CNPq.



ISOLAMENTO DE ACTINOBACTÉRIAS DE AMBIENTES EXTREMOS E EXPLORAÇÃO DE SUA ATIVIDADE ANTIMICROBIANA USANDO TECNOLOGIAS -ÔMICAS.

Kattia Núñez-Montero^{1,2,3,*}; Fernando D. Andreote³; Leticia Barrientos¹.

¹Laboratório de Biologia Molecular, Universidad de La Frontera, Chile. ²Instituto Tecnológico da Costa Rica, Costa Rica. ³ Laboratório de Microbiologia do Solo, ESALQ, Universidade de São Paulo, Brazil. *k.nunez03@ufromail.cl.

Os produtos naturais bioativos levaram ao desenvolvimento de muitos dos medicamentos disponíveis comercialmente. No entanto, o aumento da resistência a medicamentos, especialmente antibióticos, é um desafio atual que requer esforços para encontrar novos compostos bioativos. Ambientes extremos inexplorados ganharam atenção como uma fonte promissora de novos produtos antibióticos naturais. Particularmente, espera-se que microrganismos que enfrentam condições poliextremos, como aqueles descritos para o continente Antártico, abriguem vias biossintéticas únicas (por conseguintes novos produtos naturais) como resultado da evolução. Nosso objetivo foi caracterizar cepas actinobacterianas antárticas como fontes potenciais de novos antibióticos com base no sequenciamento do genoma completo para a exploração de seus cluster de genes biossintéticos (CGBs) e metabolômica para a descrição da diversidade de metabólitos secundários. A metabolômica com HPLC-QTOF-MS/MS revelou condições de cultura que podem induzir a produção de metabólitos silenciosos, incluindo análogos de antibióticos conhecidos, como a actinomicina. Cinco cepas bacterianas da Antártica exibindo alta atividade antimicrobiana e metabólitos eliciados foram sequenciados usando Illumina e ONT. Servidores da web AntiSMASH e PRISM foram usados para identificar CGBs nos genomas. As cepas antárticas pertencem a *Streptomyces fildesensis*, *Microbacterium* sp. e *Arthrobacter* sp., com genomas de 4.1 até 9.6Mb. Os CGBs variaram de 14 a 54 com maior produção de sacarídeos, terpenos e ácidos graxos; seguido por bacteriocinas, NRPS e PKS. A espécie *Streptomyces fildesensis* apresentou a maior quantidade de CGBs para a produção de metabólitos secundários, bem como a maior atividade antimicrobiana contra patógenos, que foi aumentada em condições de co-cultura. A maioria de seus genes e metabólitos produzidos não puderam ser identificados por comparação com bancos de dados, por tanto poder ser novo produtor de antibióticos. Esta espécie foi descoberta recentemente e foi descrita apenas no continente Antártico, destacando a diversidade inexplorada de microrganismos neste ambiente, incluindo gêneros raros de actinobactérias (por exemplo, *Lapillicoccus*, *Janibacter*, *Allobranchiibius* e *Kribbella*) que devem ser explorados em estudos futuros.

Palavras-chave: Metabólito; bactéria antártica; metabolômica.

Agradecimentos:

CONICYT–PFCHA/Doctorado Nacional/2017–21170263, Universidad de La Frontera (DI19–0079); Network for Extreme Environments Research (NXR17-0003); Instituto Antártico Chileno (DG_01-19).



COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS MULTIFUNCIONAIS DE CLIMA TEMPERADO: APLICAÇÃO PARA BIOECONOMIA

Maria Laura Turino Mattos^{1*}; Karina Farias de Oliveira²; Ieda Baade dos Santos¹

¹Embrapa Clima Temperado. ²Universidade Federal de Pelotas.

*maria.laura@embrapa.br.

Na Coleção de Microrganismos Multifuncionais de Clima Temperado (CMMCT), situada na Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, o enriquecimento ocorre por meio de coleta de amostras de plantas, solos e passivos de mineração, sendo o isolamento, caracterização morfológica, bioquímica e fisiológica dos microrganismos, realizada no Laboratório de Microbiologia do Solo. Os acessos são prospectados para uso em processos de solubilização de nutrientes de agrominerais, fixação biológica de nitrogênio e promoção do crescimento de plantas dos sistemas agrícolas de grãos (arroz, milho e soja) e de forrageiras (gramíneas e leguminosas), predominantes nos agroecossistemas de terras baixas, no Bioma Pampa. Os 1054 acessos componentes do acervo da CMMCT são preservados por dois métodos: liofilização e *Castellani*. A CMMCT hospeda gêneros de microrganismos com diferentes funcionalidades, como: espécies de *Bacillus*, de *Bradyrhizobium*, de *Pseudomonas*, de *Rhizobium*, entre outros, com capacidades para fixação de nitrogênio e promoção do crescimento de plantas. Neste contexto, avaliações de eficiência agrônômica são realizadas em nível de casa de vegetação e no campo experimental da Estação Terras Baixas, Capão do Leão, RS, visando comprovar os benefícios das bactérias diazotróficas para a redução do uso de fertilizante nitrogenado mineral nas culturas do arroz e azevém e, para resiliência aos estresses hídricos (falta e excesso) na cultura da soja em terras baixas. Dessa forma, bactérias identificadas e avaliadas constituem um recurso genético com elevado potencial para o desenvolvimento de insumos biológicos. Além disso, diante das condições edafoclimáticas das terras baixas, especialmente dos solos com drenagem natural deficiente, e da influência dos fenômenos climáticos El Niño e La Niña, sobre as culturas de verão, essas bactérias demonstram resistência e habilidade no processo produtivo, bem como contribuirão para a saúde do solo e economia para o produtor ao substituir recursos fósseis e não renováveis, traduzindo-se em bioeconomia.

Palavras-chave: Bactérias, grãos, economia

Agradecimentos: FAPERGS



BACTÉRIAS ISOLADAS DE BIOFERTILIZANTE FORMULADO COM FARINHA DE PEIXE INIBEM O CRESCIMENTO MICELIAL DE *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*.

Alexandre Visconti¹; Morgana Lazzari²

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI.

²Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC. E-mail: visconti@epagri.sc.gov.br.

O mal-do-Panamá, causado pelo fitopatógeno *F. oxysporum* f. sp. *cubense* (*Foc*) é a principal doença da bananeira em Santa Catarina. Para a doença não há fungicida eficiente o seu controle ocorre através do uso de plantas tolerantes e de estratégias que promovam o crescimento da planta e evitem o desenvolvimento da doença. Neste contexto a indução de supressividade com biofertilizante formulado com farinha de peixe apresenta-se como estratégia promissora. A microbiota presente no biofertilizante têm ação antagonista a *Foc*, variável entre as comunidades microbianas. O objetivo deste trabalho foi avaliar o antagonismo *in vitro* de bactérias isoladas de biofertilizante aeróbico formulado com farinha de peixe na inibição do crescimento micelial de *Foc*. De 92 bactérias isoladas foram testadas 53 através da técnica da cultura pareada em Placa de Petri contendo meio Batata-Dextrose-Ágar (BDA). Discos de micélio de 8 mm de diâmetro contendo o fitopatógeno foi semeado ao centro da placa e o desafiante nos extremos opostos, mantidos em BOD a 28°C±2 e fotoperíodo de 12 h. A testemunha consistiu de placas contendo somente o fitopatógeno. Diariamente foram medidos os raios da colônia do fitopatógeno perpendiculares ao desafiante. Com os resultados foi determinado o Índice de Inibição do Crescimento Micelial, em relação à testemunha, pela fórmula: IICM (%) = $[\sum (R - Rt) / Rt] \times 100$, sendo: R = Raio médio, do dia, da colônia com o desafiante; Rt = Raio médio da colônia, do dia, na testemunha, seguido de conversão em valores absolutos. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com três repetições (1 repetição = 1 placa de Petri com a leitura de dois raios). Os resultados foram submetidos a ANAVA e a comparação de médias pelo teste de Skott Knott (5%). Todos os 53 isolados bacterianos inibiram o crescimento micelial da colônia com IICM (%) variando entre 3,2 a 75,7 %. Na comparação de médias observou-se a formação de cinco grupos de inibição assim distribuídos: IICM de 3,2 a 16,9% = 15 isolados; IICM de 19,5 a 30,5% = 16 isolados; IICM de 33,5 a 42,3% = 14 isolados; IICM de 44,1 a 53,6% = 6 isolados e IICM acima de 70% = 2 isolados. Os isolados BT1-2 e BT1-3 apresentaram IICM com 72,9 e 75,1 % de inibição, respectivamente, em relação à testemunha. Os isolados bacterianos obtidos de biofertilizante aeróbico formulados com farinha de peixe inibiram, *in vitro*, o crescimento micelial de *Foc*.

Palavras-chave: controle biológico; supressividade; fermentação aeróbica.

Agradecimentos: a Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina - FAPESC.



Recursos Genéticos Microbianos

6- Microbioma associado



EFEITO DE BACTÉRIAS PROVENIENTES DO MICROBIOMA FUNCIONAL DE *Ananas* ssp. NO CRESCIMENTO RADICULAR DA VARIEDADE PÉROLA

Amanda Bahiano Passos Sousa^{1*}; Bruno Laecio da Silva Pereira¹; Cíntia Paula Feitosa Souza¹; Saulo Alves Santos de Oliveira²; Eduardo Chumbinho de Andrade²; Fernanda Vidigal Duarte Souza²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura. *E-mail do autor apresentador: amandabahiano5@gmail.com

O estudo de bactérias que compõem o microbioma associado ao gênero *Ananas*, tem mostrado resultados relevantes e promissores para seu uso em várias etapas do sistema de cultivo do abacaxizeiro, principalmente, como promotoras de crescimento. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de bactérias benéficas provenientes do microbioma associado às plantas do gênero *Ananas*, coletadas em ambiente de ocorrência natural e de cultivo, no crescimento radicular da variedade 'Pérola'. As plantas foram obtidas por micropropagação, passando pelo processo de aclimação em casa de vegetação onde ocorreu a infestação do solo com as bactérias. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualiado, com quatro tratamentos além do controle (não inoculado) e 51 repetições cada. Ao final de 90 dias, foram avaliados o comprimento da maior raiz de cada planta como também massa fresca e seca. Também foi determinado o comprimento das raízes por classe de diâmetro através do software GSRoots, que consiste em digitalizar imagens das raízes com auxílio de um scanner, seguido de mensuração do comprimento total do sistema radicular de cada tratamento. Com base nas análises estatísticas, houve diferença significativa em relação à massa seca do sistema radicular. O tratamento controle obteve o menor acúmulo de massa seca (0,20 g), diferindo de todos os outros tratamentos. O tratamento com *Pseudomonas* de Solo de Ambiente Cultivado e Natural (PSAC + PSAN) obteve a maior média (0,37 g) e diferiu significativamente dos outros tratamentos, seguido do mix de Bactérias Totais de Solo de Ambiente Natural (BTSAN), *Pseudomonas* de Solo de Ambiente Cultivado (PSAC) e Bactérias Endofíticas de Caule de Planta de Ambiente Cultivado (BECAPAC) com 0,36 g, 0,35 g e 0,33 g, respectivamente. Quanto à massa fresca e comprimento da maior raiz não houve diferença significativa entre os tratamentos. De acordo com mensuração das raízes do comprimento do sistema radicular, não houve diferença estatística entre os tratamentos para todas as classes de diâmetros ($D < 0,05$ mm a $D > 2,0$ mm), porém, observou-se que o tratamento PSAC+PSAN apresentou maior comprimento médio na faixa de diâmetros menores que 0,05 mm, isso implica dizer que este tratamento obteve maior comprimento de raízes de absorção em relação aos demais, seguido dos tratamentos BTSAN, BECPAC e PSAC. Já o controle apresentou menor comprimento de raiz de absorção.

Palavras-chave: Sistema Radicular; microrganismos; abacaxi.

Agradecimentos: Capes, PPG em RGV, UFRB e Embrapa.



ÁRVORES FIXADORAS DE N₂ REGULAM AS INTERAÇÕES FÚNGICAS E A CICLAGEM DE FÓSFORO EM FLORESTAS MISTAS

Arthur Prudêncio de Araujo Pereira^{1*}; Maiele Cintra Santana²; Carolina Braga Brandani³; Danilo Ferreira da Silva¹; Jarlane Viana Moreira¹; Elke Jurandy Bran Nogueira Cardoso²

¹Universidade Federal do Ceará. ²Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. ³New Mexico State University, College of Agricultural, Consumer and Environmental Sciences. *E-mail do autor apresentador: (arthur.prudencio@ufc.br).

A comunidade de fungos desempenha um papel importante nos ecossistemas florestais, principalmente pelo fornecimento de recursos para a nutrição e produtividade das plantas. No entanto, a ecologia da comunidade de fungos e sua relação com a dinâmica do fósforo (P) permanece pouco compreendida, principalmente em plantações florestais mistas entre eucalipto e acácia (Fabaceae). Nós analisamos a comunidade de fungos usando o sequenciamento baseado em *amplicons* (região ITS) em plantações de *Eucalyptus grandis* puro, com (E+N) e sem fertilização com N (E), além de *Acacia mangium* puro (A), e em um consórcio de *E. grandis* e *A. mangium* (E+A), aos 27 e 39 meses após o plantio. Analisamos atributos químicos, físicos e bioquímicos do solo e da serapilheira relacionados ao ciclo do P e a estrutura da comunidade fúngica para descobrir se plantações mistas com árvores fixadoras de N₂ (acácia) podem aumentar as interações fúngicas e para identificar seu papel na dinâmica do P no sistema solo-serapilheira. A fração orgânica do solo (OF), o fósforo da OF, o P total e a atividade da fosfatase ácida foram significativamente maiores nos tratamentos A e E+A, independente do período de amostragem. Os teores de N e P totais, riqueza, diversidade de Shannon e diversidade filogenética dos fungos da serapilheira foram significativamente maiores nos tratamentos A e E+A. A estrutura da comunidade fúngica na serapilheira diferiu entre os tratamentos e períodos de amostragem, sendo que E+A apresentou uma posição intermediária de grupos entre os dois tratamentos puros (E) e (A) de ambas as espécies de plantas. O tratamento E+A se correlacionou positivamente com a dinâmica P quando avaliada por análises de Pearson e de Redundância (RDA), particularmente na camada de serapilheira. Análises de *network* (co-ocorrência de táxons fúngicos) foram menos conectadas em plantações puras de *E. grandis*, enquanto o sistema misto (E+A) apresentou uma rede mais conectada e complexa. Nossos resultados fornecem novas evidências de que as plantações florestais mistas promovem respostas positivas nas interações da comunidade de fungos, as quais estão intimamente relacionadas à disponibilidade de P no sistema, principalmente na camada de serapilheira. Isso indica que a camada de serapilheira representa um nicho específico para melhorar a ciclagem de nutrientes por fungos em ecossistemas florestais, evitando um maior contato desde elemento com a matriz coloidal do solo.

Palavras-chave: plantações mistas; ecologia microbiana; ciclagem de nutrientes.



MUDANÇAS NA COMUNIDADE DE ARQUEIAS PROMOVIDAS POR ATRIBUTOS DO SOLO E SERAPILHEIRA EM PLANTAÇÕES PURAS E MISTAS DE EUCALIPTO E ACÁCIA

Arthur Prudêncio de Araujo Pereira^{1*}; Maiele Cintra Santana²; Adijailton José de Souza²; Danilo Ferreira da Silva¹; Jarlane Viana Moreira¹; Elke Jurandy Bran Nogueira Cardoso²

¹Universidade Federal do Ceará. ²Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. *E-mail do autor apresentador: (arthur.prudencio@ufc.br).

A comunidade de arqueias apresenta membros importantes para a ciclagem de nutrientes nos ecossistemas florestais. No entanto, os atributos do solo-serapilheira que modulam sua estrutura permanecem pouco conhecidos. Até o momento, a comunidade de arqueias nunca foi relatada em plantações puras e mistas de eucalipto e acácia. Nós analisamos a comunidade de arqueias e realizamos correlações com os teores de C, N e P na interface solo-serapilheira de *Eucalyptus grandis* sem (E) e com fertilização de N (E+N), um sistema misto de *E. grandis* e *Acacia mangium* (E+A), e em plantações puras de *A. mangium* (A), respectivamente. Extraímos o DNA total do solo na camada 0-20 cm, coletamos amostras de serapilheira aos 27 e 39 meses após o plantio e sequenciamos o gene 16S rRNA da arqueias destes ambientes. Além disso, analisamos a abundância dos genes 16S rDNA e *amoA* por PCR quantitativo (qPCR) e avaliamos as correlações entre os dados moleculares com os atributos do solo-serapilheira (ou seja, atividade microbiana e enzimáticas, e com os teores de C, N e P). Os dados do sequenciamento demonstraram que os tratamentos impuseram uma pequena influência na comunidade de arqueia do solo. No entanto, a camada de serapilheira mostrou diferenças significativas, uma vez que a riqueza, diversidade e abundância relativa de arqueias totais (e, especificamente, de *Thaumarchaeota*) aumentaram significativamente nos tratamentos puros e mistos de acácia aos 27 e 39 meses após o plantio. Não houve um padrão claro quanto à abundância de genes funcionais no solo, mas a estrutura da comunidade respondeu aos tratamentos na camada de serapilheira, onde os teores de N-NH₄⁺, N total e a relação C/N foram os atributos mais importantes na diferenciação dos grupos. Esta é a primeira tentativa empírica com o intuito de mostrar a dinâmica da comunidade de arqueia em plantações puras e mistas de *E. grandis* e *A. mangium*. Além de sua comunidade ter mudado de acordo com as espécies de árvores (manejo florestal) e o período de amostragem, demonstramos que a comunidade de arqueias pode desempenhar um papel importante na ciclagem de nutrientes na interface solo-serapilheira de ambientes florestais, especialmente relacionada ao ciclo do nitrogênio.

Palavras-chave: plantações mistas; ecologia microbiana; ciclagem de nutrientes.



JARDIM DE FUNGO DE FORMIGAS CORTADEIRAS: O POTENCIAL DE UM CONSÓRCIO MICROBIANO

Mariana de Oliveira Barcoto^{1,2*}; André Rodrigues^{1,2}

¹Departamento de Biologia Geral e Aplicada, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus Rio Claro. ²Centro de Estudos de Insetos Sociais (CEIS), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus Rio Claro. *E-mail: m.barcoto@unesp.br

Consideradas espécies chave em regiões neotropicais, as formigas cortadeiras de folhas (gêneros *Atta* Fabricius 1805 e *Acromyrmex* Mayr 1865) mantêm uma associação mutualista com o fungo *Leucoagaricus gongylophorus* (Möller) Singer 1986. Este é cultivado como recurso nutricional em uma estrutura conhecida como jardim de fungo. Atuando como um sistema digestivo externo, o jardim é o cerne da herbivoria funcional das formigas cortadeiras, metabolizando biomassa vegetal e fornecendo nutrientes lábeis às larvas, operárias e rainha. Semelhante ao sistema digestivo de outros herbívoros, uma microbiota particular e funcionalmente diversa está associada a esse ambiente, aparentemente envolvida no metabolismo de lignocelulose, biomassa fúngica, carboidratos simples, metabólitos secundários, aminoácidos e vitaminas, bem como na fixação de nitrogênio e biossíntese de compostos antimicrobianos. No entanto, os estudos sobre a atividade metabólica do jardim são centrados majoritariamente em *L. gongylophorus*. Membros da microbiota são designados possíveis auxiliares à simbiose formiga-fungo, permanecendo pouco conhecidas as interações entre *L. gongylophorus* e a microbiota, entre membros da microbiota, e as influências fisiológicas dessas inter-relações. Assim, sugerimos a integração da microbiota em uma perspectiva mais holística, propondo considerar o jardim como uma entidade multi-organismo, cujas propriedades metabólicas são expressões fenotípicas resultantes da interação entre uma multiplicidade de genótipos microbianos. Parece plausível que a atividade metabólica do jardim seja uma propriedade emergente de interações microbianas, possibilitando o metabolismo multipartido de biomassa vegetal recalcitrante, além de rotas complementares para biossíntese de nutrientes e metabólitos secundários. A dinâmica do consórcio microbiano poderia fundamentar o metabolismo da colônia, determinando a função ecossistêmica e o sucesso evolutivo das formigas cortadeiras. Interações em consórcios microbianos tendem a incluir rotas enzimáticas alternativas e um vasto arsenal de sinalização química, inspirando processos voltados à bioenergia, biorremediação e biossíntese de compostos com valor agregado. Integrar a microbiota ao jardim amplia os horizontes de pesquisa nesse valioso consórcio microbiano, expandindo seu potencial biotecnológico aplicável ao desenvolvimento de uma bioeconomia circular.

Palavras-chave: Microbiota; metabolismo; simbiose

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.



ATIVIDADE ANTIFÚNGICA DE ISOLADOS BACTERIANOS DO NINHO DE ESPUMA DO ANURO *ADENOMERA* *HYLAEDACTYLA*

Daniel V. Martins¹; Luzia G. Z. Castro¹; Francisca A. S. Oliveira²; Vânia M. M. Melo²; Denise C. Hissa^{1*}

¹Laboratório de Recursos Genéticos (LaRGen), Universidade Federal do Ceará.

²Laboratório de Ecologia Microbiana e Biotecnologia (LEMBiotech), Universidade Federal do Ceará.

*E-mail do autor apresentador: martinsdanielv@gmail.com

Muitos grupos de anfíbios depositam seus ovos em ninhos de espuma como adaptação reprodutiva ao ambiente terrestre. Esses ninhos de espuma são estruturas estáveis que fornecem oxigênio, proteção contra radiação, temperatura, predadores e patógenos. Sabe-se, atualmente, que a defesa contra muitos patógenos no indivíduo adulto é proveniente de sua microbiota, entretanto pouco se conhece sobre a microbiota presente nos ninhos durante seu estágio larval. O presente trabalho buscou identificar isolados bacterianos do ninho de espuma do anuro *Adenomera hylaedactyla* Cope, 1868 e avaliar a produção de antifúngicos capazes de inibir o crescimento do fungo filamentosso *Fusarium sp.* Os ninhos foram coletados em São Gonçalo do Amarante – CE durante a estação chuvosa. Em seguida, as amostras foram diluídas e plaqueadas em meio ATGE por 48 h a 30°C. O fungo foi reativado inoculando um *pellet* no centro de uma placa contendo meio BDA, incubando a temperatura ambiente por 7 dias. As bactérias do ninho de espuma foram reativadas do estoque em meio ATGE no quarto dia e incubadas a temperatura ambiente por 24 horas. No quinto dia de crescimento do fungo, as colônias bacterianas puras foram transferidas para a placa de *Fusarium sp.* com auxílio de uma alça estéril realizando movimentos retilíneos para formar um traço com 1 cm de comprimento, em duplicata. Para o controle negativo, foi utilizado uma cepa de *Escherichia coli* (Migula, 1895) Castellani e Chalmers, 1919 (ATCC 25922). Os resultados foram observados após o fungo crescer por toda a área da placa, por volta do sétimo dia e sendo considerado positivo se houvesse inibição do crescimento do fungo. O DNA genômico dos isolados foi extraído por termolise ou CTAB e o gene 16S rDNA amplificado utilizando os primers 27F e 1525R e enviados para sequenciamento. As sequências foram tratadas utilizando o software Geneious Prime e feito o alinhamento local com o banco de dados pela ferramenta BLAST do NCBI. Foram isolados 30 morfotipos bacterianos nas amostras de ninho, com predominância de bactérias gram negativas do filo *Proteobacteria*, e maior abundância dos gêneros *Enterobacter*, *Bacillus*, *Serratia* e *Stenotrophomonas*. 9 (30%) dos isolados apresentaram atividade antifúngica no crescimento da espécie de referência, o fungo filamentosso *Fusarium sp.* Dentre os isolados que apresentaram atividade antifúngica, 66,7% são do gênero *Bacillus*, seguidos de 22,2% do gênero *Stenotrophomonas* e 11,1% do gênero *Enterobacter*. Representantes dos gêneros *Bacillus* e *Stenotrophomonas* são reconhecidos por serem potenciais produtores de compostos naturais antimicrobianos e frequentemente estão associados na defesa contra diversos fitopatógenos. Os resultados comprovam a presença de uma comunidade microbiana em ninhos de espuma de anuros com potencial na defesa durante a fase larval.

Palavras-chave: Ninho de espuma; *Bacillus*; antifúngico

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e SERRAPILHEIRA.



RESPOSTA DOS ORGANISMOS FIXADORES DE NITOGÊNIO E SOLUBILIZADORES DE FÓSFORO FRENTE A COBERTURA DO SOLO

Luana Bresciani¹; Fernando Dini Andreote¹

¹Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo”.
luanabresciani@gmail.com

A cobertura do solo é um dos três pilares da agricultura conservacionista que visa aumentar a qualidade do solo e a sustentabilidade da lavoura. Esta cobertura pode ser realizada a partir de resíduos da cultura ou por culturas de cobertura, as quais atuam protegendo o solo e atuando em suas propriedades físicas e químicas. As modificações impostas pelo uso da cobertura do solo, entre elas o aumento da matéria orgânica, levam a alterações no comportamento microbiano. De fato, a comunidade microbiana do solo interage intimamente com a matéria orgânica do solo, a qual atua como substrato nutricional e energético para o seu desenvolvimento. Assim, a qualidade da cobertura utilizada também interfere no comportamento microbiano. Então, considerando que a maioria das coberturas utilizadas no solo é caracterizada como de alta relação carbono: nitrogênio, sugere-se que, na sua presença, seja imposto uma pressão seletiva na comunidade, favorecendo alguns grupos, como aqueles capazes de fixar nitrogênio atmosférico e solubilizar fósforo. Com isso, este trabalho tem visado investigar tais efeitos utilizando como referência dois sistemas agrícolas (cana-de-açúcar, café) com dois sistemas de cobertura (resíduos de lavoura e cultura de cobertura, respectivamente), onde está sendo avaliado a comunidade microbiana total e os grupos fixadores biológicos de nitrogênio e solubilizadores de fósforo ao longo de seis profundidades (0 a 30 cm). No momento já foram realizadas as análises químicas, as quantificações das atividades enzimáticas e as quantificações gênicas (16S rRNA para bactérias, nifH para fixação biológica de nitrogênio e phoD para solubilização de fósforo). Os resultados parciais demonstram que a cobertura melhora a qualidade química do solo e a atividade biológica, porém decai com o aumento da profundidade, principalmente a partir de 10 cm. A quantificação gênica demonstra que há estímulo às funções de fixação biológica de nitrogênio e solubilização de fósforo principalmente nas profundidades com maior contato com a cobertura. Futuras análises visam completar essa investigação analisando o impacto da cobertura também na riqueza, diversidade e abundância taxonômica bacteriana, assim como as interações e correlações entre os organismos ali presentes. Por fim, ao final desde espera-se que suas descobertas contribuam para o desenvolvimento de técnicas de manejo mais assertivas que atuem para a maior sustentabilidade da produção agrícola.

Palavras-chave: ecologia; microbiana; sustentabilidade.

Agradecimentos: Ao Laboratório de Microbiologia do Solo, Departamento de Ciência do Solo ESALQ-USP; à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP (Processo: 19/18557-8).



PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO E CONTROLE DE COCHONILHA (*Dysmicoccus brevipes*) EM PLANTAS DE ABACAXI cv. BRS IMPERIAL PELO USO DE BACTERIAS BENÉFICAS DO GÊNERO *Ananas*

Adenildo Bernardo dos Santos^{1*}; Antônio de Jesus Argolo¹; Saulo Alves Santos de Oliveira²; Cintia Paula Feitosa Souza³; Everton Hilo de Souza³ Fernanda Vidigal Duarte Souza²

¹ Escola Rural Tina Carvalho; ² Embrapa Mandioca e Fruticultura; ³ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *adenildo.santos@fjc.org.br

Microrganismos benéficos podem promover o crescimento das plantas, melhorando o seu desempenho, assim como funciona como agentes de biocontrole contra doenças causadas por fitopatógenos. A murcha do abacaxizeiro está associada à cochonilha *Dysmicoccus brevipes* e tem causado danos severos, tanto no germoplasma de abacaxi como em cultivos comerciais. Plantas do 'BRS Imperial' foram inoculadas, em etapa de canteiro, com três tratamentos: BECPAC (bactérias endofíticas de caule de plantas de ambiente cultivado); PSAC (*Pseudomonas* de solo de ambiente cultivado) e uma combinação de BECPAC + PSAC. O tratamento controle se constituiu de plantas não inoculadas. Esses microrganismos foram obtidos de amostras de solo e plantas (folha, caule e raízes) de *Ananas* em ambiente natural ou cultivado. As plantas foram transplantadas para condições de campo na Escola Rural Tina Carvalho, da Fundação José Carvalho, em Entre Rios e após 9 meses se avaliou o crescimento a partir da altura das plantas (cm) e o índice de incidência de cochonilha a partir de uma escala de notas. BECPAC promoveu o crescimento das plantas aos 232 e 275 dias (38,4 cm e 37,5 cm respectivamente) quando comparado ao tratamento controle (34,5 cm) e os demais tratamentos. A interação entre BECPAC e PSAC levou a uma redução no crescimento das plantas nos dois períodos avaliados, obtendo as menores médias na altura de plantas. A inoculação com "BECPAC+PSAC" foi responsável pelas menores médias do índice de infestação (30%) seguido de PSAC (38,3%), que diferiram significativamente do controle e de BECPAC, com índices de infestação de 46,7% e 60%, respectivamente. Apesar do maior potencial de promoção de crescimento induzido pelo tratamento BECPAC, este não foi capaz de promover redução da infestação por cochonilhas, não diferindo do controle (plantas não inoculadas). Entretanto, o tratamento com PSAC e a combinação PSAC+BECPAC foram eficientes para reduzir de forma significativa a infestação da cochonilha em 17,9 e 30%, respectivamente.

Palavras-chave: Microrganismos benéficos; endofíticos; *Pseudomonas*

Agradecimentos: FAPESB; CNPq; CAPES/ PNPd/ UFRB; CAPES/ PROCAD; UFRB; Fundação José Carvalho; CNPMF.



AVALIAÇÃO DO IMPACTO DA DEGRADAÇÃO DE SOLOS NAS COMUNIDADES BACTERIANAS EM ÁREAS SUSCETÍVEIS À DESERTIFICAÇÃO POR PCR/DGGE

Lara Isensee Saboya de Sousa¹; Pedro Amaral Fontes de Sales¹; Andreza de Freitas Nunes Oliveira¹; Vanessa Ariane Silva da Costa¹; Lara Andrade Lucena Lima¹; Arthur Prudêncio de Araujo Pereira¹; Vânia Maria Maciel Melo¹

¹Universidade Federal do Ceará. lara.iss@hotmail.com

A degradação do solo afeta os processos químicos, físicos e biológicos desse ecossistema e pode gerar uma perda acentuada de matéria orgânica. A comunidade microbiana, por ser dependente desta, sofre consequências que vão desde a redução da biomassa à diminuição da atividade das células sobreviventes, diminuindo a disponibilidade de nutrientes no solo. O Ceará abrange um dos mais graves núcleos de desertificação do país, Irauçuba. O objetivo desse estudo foi avaliar as variáveis edáficas e os impactos na comunidade bacteriana em solos de 3 diferentes tratamentos no município de Irauçuba: solos de mata secundária de Caatinga, de área de exclusão de pastagem e de áreas de pastejo intenso. Os solos, coletados em 2018, passaram por análises químicas e biológicas. Foram aferidos os valores de pH; umidade; condutividade elétrica (CE); Ca^{2+} ; Mg^{2+} ; Na^+ ; K^+ ; acidez potencial ($\text{H}+\text{Al}$); Al^{3+} ; soma de bases (SB); capacidade de troca de cátions total (T); saturação por alumínio (m%); saturação de bases (V%); porcentagem de sódio trocável (PST); carbono orgânico; nitrogênio; e fósforo. Para as análises biológicas e da comunidade bacteriana foram realizadas contagens de células viáveis e PCR/DGEE, com a amplificação da região do rRNA 16s. Os solos de exclusão de pastagem mostraram um aumento significativo no teor de carbono orgânico, nitrogênio, soma de bases, CTC, C/N, V% e de biomassa bacteriana em relação a situação dos solos de pastejo. O pH, Ca^{2+} , Mg^{2+} , K^+ e $\text{H}+\text{Al}$ não apontou diferenças significativas entre as amostras. Os principais problemas dos solos são relacionados aos preditores de salinidade (Na^+ , CE, PST) e ao elevado teor de Al^{3+} (tóxico), mais acentuados nos solos de sobrepastejo. Os perfis das comunidades de bactérias acessadas por DGGE indicaram que a comunidade da área de pastejo é significativamente distinta das demais e foi observada uma tendência de aproximação do perfil encontrado na área de exclusão de pastagem com o de mata secundária. As variáveis que mais foram capazes de explicar as diferenças entre as áreas foram o C e o N, que se correlacionaram positivamente com a exclusão de pastagem e com a área de mata secundária. É possível, portanto, inferir que a separação entre as comunidades microbianas dos solos está estreitamente relacionada aos descritores químicos dos solos. Os indicadores de qualidade do solo avaliados apontam um severo prejuízo provocado pelo pastejo intenso em Irauçuba e demonstram a eficácia da técnica de exclusão de pastagens para a recuperação dos solos.

Palavras-chave: Pousio; Microbioma; Solo.

Agradecimentos: CNPq



ISOLAMENTO DE BACTÉRIAS LÁTICAS PROVENIENTES DE DIFERENTES ACESSOS DE ABACAXI

Ilana Maciel Paulo Mamédio Brandão¹; Elinalva Maciel Paulo²; Fernanda Vidigal Duarte Souza³; Hugo Neves Brandão⁴.*

¹Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS). ²Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS). ³Embrapa Mandioca e Fruticultura. ⁴Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS). *ilana_mamedio@hotmail.com.

O abacaxi *Ananas comosus* (L.) Merrill é uma das frutas mais produzidas no território brasileiro, sendo o Brasil, o terceiro maior produtor mundial da fruta. Dentre as doenças que afetam a cultura do abacaxi no Brasil, a fusariose é a responsável pelas maiores perdas na produção dos frutos. Tendo em vista a importância da abacaxicultura e a preocupação com a erosão genética do abacaxi, a Embrapa Mandioca e Fruticultura vem realizando expedições de coleta de germoplasma desse gênero em diferentes regiões do país, assim como coleta e identificação de micro-organismos associados à cultura. Desta forma o presente trabalho objetivou isolar bactérias ácido lácticas (BAL) provenientes de diferentes acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) Abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura visto que estudos preliminares sugerem uma ação antagônica dessas bactérias frente à fusariose. Para isso, foram selecionados 10 acessos do BAG Abacaxi, sendo cinco acessos resistentes (BGA02, BGA03, BGA04, BGA10 e BGA12) e cinco acessos suscetíveis (BGA 15, BGA 106, BGA 341 e BGA452) à fusariose. O isolamento foi realizado por meio da fermentação do material vegetal, utilizando-se para isso casca do fruto e folhas dos acessos em questão. A partir da fermentação do material, foi possível isolar 45 micro-organismos, onde por meio da caracterização fenotípica, 19 foram confirmados como sendo pertencentes ao grupo de bactérias ácido lácticas. Das 19 cepas de BAL isoladas, 12 foram provenientes das folhas, enquanto sete, da casca dos frutos. Em relação aos acessos, foi possível obter BAL em sete dos dez acessos de abacaxi avaliados. Dez cepas foram provenientes dos acessos BGA02, BGA03, BGA04, BGA10 e BGA12, que são resistentes à fusariose, enquanto nove cepas proveniente dos acessos BGA 15 e BGA106, que são suscetíveis a doença. Desta forma, com o presente trabalho foi possível isolar bactérias lácticas tanto de folhas quanto da casca do fruto do abacaxi, assim como houve uma maior ocorrência destas nos acessos de abacaxi que são resistentes à fusariose. Esses resultados são a primeira etapa de um estudo que pode auxiliar na compreensão da relação entre uma possível ação antagônica e a resistência à fusariose com a presença de bactérias lácticas.

Palavras-chave: *Lactobacillus* sp.; controle biológico; diversidade microbiana.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES); ao programa de Pós- Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana; ao Laboratório de Microbiologia Aplicada e Saúde Pública (LAMASP); à Embrapa Mandioca e Fruticultura.



CARACTERIZAÇÃO DA MICROBIOTA DE *Myotis chiloensis* COM BASE NA METAGENÔMICA 16S DE AMOSTRAS FECALIS

Kattia Núñez-Montero^{1,2,3,*}; Leticia Barrientos¹; Andres Santos¹; Fulgencio Lisón⁴.

¹Laboratório de Biologia Molecular Aplicada, Centro de Excelência em Medicina Translacional, Universidad de La Frontera, Chile. ²Instituto Tecnológico da Costa Rica, Costa Rica. ³Laboratório de Microbiologia do Solo, ESALQ, Universidade de São Paulo, Brazil. ⁴Laboratório de Ecologia e Conservação da Paisagem, Departamento de Ciências Florestais, Universidad de La Frontera, Chile. *k.nunez03@ufromail.cl:

Myotis chiloensis é uma espécie de morcego, descrita pela primeira vez na ilha de Chiloé, e amplamente distribuída no Chile. Os morcegos podem ser reservatórios de patógenos, dos quais apenas o vírus da raiva e Mycoplasmas foram descritos na espécie *M. chiloensis*. O microbioma desse morcego ainda não foi estudado e poderia fornecer informações sobre sua carga patogênica, além de ser um modelo para estudos ecológicos posteriores associados à variação de sua microbiota. O objetivo deste trabalho foi determinar a diversidade bacteriana de *M. chiloensis*. O DNA foi obtido de amostras fecais de dois machos e duas fêmeas para sequenciamento do gene 16S rRNA usando a plataforma minION (ONT). A atribuição taxonômica foi feita com a ferramenta Centrifuge-10.3-beta. As análises de abundância permitiram identificar os principais filos e sua distribuição. O perfil taxonômico encontrado foi dominado por Proteobacteria (23.7%-57.7%) e Firmicutes (11.8%-61.6%), cujas principais famílias foram representadas por Burkholderiaceae-Enterobacteriaceae e Veillonellaceae-Bacillaceae, respectivamente. Os filos Bacteroidetes, Actinobacteria, Cyanobacteria, Planctomycetes e Acidobacteria também foram encontrados com abundância superior a 1%. Variações entre os indivíduos foram observadas em nível de gênero, sem diferenças significativas nos perfis taxonômicos e diversidade de acordo com o sexo. Espécies potencialmente patogênicas foram detectadas em todas as amostras, incluindo *Staphylococcus aureus*, *Clostridium perfringens* assim como espécies dos gêneros *Shigella* e *Serratia*. Este estudo provê uma visão preliminar sobre a microbiota de *M. chiloensis*, o que é muito útil para o entendimento de possíveis zoonoses transmitidas por esses morcegos, bem como contribuir para o conhecimento sobre a ecologia e dieta dessa espécie pouco pesquisada. Além disso, a ferramenta de sequenciamento em tempo real ONT é proposta para a caracterização rápida e econômica da microbiota bacteriana de fezes de morcego para maior rastreabilidade de seu impacto ecológico e social na transmissão de doenças infecciosas.

Palavras-chave: Chiroptera; guano; metagenômica.

Agradecimentos: CONICYT– PFCHA/Doctorado Nacional/2017–21170263, Universidad de La Frontera (DI19–0079); Network for Extreme Environments Research (NXR17-0003); Fundación para la Innovación Agraria (PYT-2018-0065).



INFLUÊNCIA DA DIVERSIDADE MICROBIOLÓGICA DE SOLOS DO MARANHÃO SOBRE LEGUMINOSAS

Jardel Carvalho^{1*}; Lucianne Martins Lobato¹; Giselly Martins Lobato¹; Danilo Pereira Batista²; Jardel Oliveira Santos²; Emanuel Messias Alencar Pio dos Santos¹; Guilherme Tombini Tomassoni¹; Renata Horrana Barreto da Silva²;

¹Coordenação de Agronomia, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal do Maranhão. ²Coordenação de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal do Maranhão. *jcarvalho572@gmail.com.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) e o feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), são exemplos de germoplasmas tropicais com elevada diversidade genética, além de serem fontes de proteína vegetal para grande da população do nordeste brasileiro, todavia o crescimento vegetativo dessas plantas é influenciado por bactérias noduladoras presentes no solo que possuem a competência de fixar o nitrogênio atmosférico. Assim, objetivou-se avaliar a influência do histórico de cultivo do solo sobre o desenvolvimento vegetativo de três leguminosas. As leguminosas avaliadas foram: dois acessos de feijão-fava (UFPI-1346 e UFPI-1347) e a uma cultivar de feijão-caupi (BRS Aracê). Como fonte de inoculo, foram coletados solos com três tipos de histórico de cultivo - HC: 1 - HC de um ano de feijão-fava e nunca cultivado soja, 2 - HC de soja e 3 - HC nunca ocorreu o cultivo de feijão-fava e soja. Os três HC foram coletados em dois municípios do Maranhão, Chapadinha e Brejo. O experimento foi conduzido em casa de vegetação em DIC sob o arranjo fatorial 3 (tipo de solo - S) x 3 (genótipo - G) com três repetições totalizando 18 tratamentos, e a semeadura foi feita em sacos plásticos contendo 5 kg de solo, livre de adubação nitrogenada. A avaliação das plantas foi realizada aos 45 dias após o plantio, a partir das variáveis: massa fresca da parte aérea, massa fresca da raiz, massa fresca total, massa seca da parte aérea, massa seca da raiz e massa seca total. A interação S x G foi significativa para maioria das variáveis avaliadas, exceto para massa fresca total (MFT) e massa seca da parte aérea (MSPA), corroborando que ocorre influência da microbiota sobre o desenvolvimento vegetativo das leguminosas. A média geral de massa seca total (MFT) e massa seca da parte aérea (MSPA) são de 39,42 gramas e 5,23 gramas, respectivamente. Portanto, a variabilidade genética da microbiota decorrente do histórico de cultivo do solo influencia o crescimento vegetativos das plantas de feijão-fava (UFPI-1346 e UFPI-1347) e da cultivar de feijão-caupi (BRS Aracê) e pode refletir diretamente na produtividade.

Palavras-chave: RIZOSFERA; RIZÓBIOS; DIVERSIDADE.

Agradecimentos: Centro de Ciências Agrárias e Ambientais da UFMA pelo suporte físico para instalação e condução do experimento, Ao Laboratório de Recursos Genéticos Vegetais da UFPI pela codificação dos acessos de feijão-fava.



FORMIGAS DE FOGO COMO HOTSPOT DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO.

Carlos Alberto Ribeiro de Moura^{1*}; Ederson da Conceição Jesus²; Thiago Gonçalves Ribeiro³; Jerri Édson Zilli²; Maria Elizabeth Fernandes Correia²;

¹Curso de pós-graduação em Agronomia – Ciência do Solo. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. ²Embrapa Agrobiologia. ³Bolsista DTI – Embrapa Agrobiologia. *E-mail do autor apresentador: moura.carlos@gmail.com.

Microrganismos associados às formigas edáficas influenciam no seu sucesso em sobreviver a agentes entomopatogênicos, escolher locais de nidificação e podem ser indispensáveis para a vida da colônia. Há registros obtidos através da amplificação do RNA de bactérias endossimbiontes de formigas que as caracterizam como filogeneticamente relacionadas a bactérias fixadoras de nitrogênio dos gêneros *Rhizobium*, *Methylobacterium*, *Burkholderia* e *Pseudomonas*. Estes e outros organismos associados a formigas podem ter potencial de serem empregados como bactérias promotoras de crescimento de plantas (PGPR). Os dados aqui apresentados são parte de um estudo que buscou identificar a presença de bactérias diazotróficas associadas a *Solenopsis invicta* Buren 1872. Foram coletadas operárias em 15 ninhos em um agroecossistema cultivado sob manejo orgânico na Fazendinha Agroecológica Km 47 localizada em Seropédica RJ. Cinco operárias por amostra foram submetidas a procedimentos de extração de DNA utilizando o kit de extração *DNeasy PowerSoil* da Qiagen com as seguintes alterações: as amostras foram resfriadas em nitrogênio líquido e piladas, foi adicionado o reagente do primeiro passo (C1, 60µL), sendo então agitadas nos microtubos *power beads* e acrescentando proteinase K (5 µL). As amostras foram mantidas em banho-maria a 56°C durante a noite e ao final foram agitadas no FastPrep® por 40s na velocidade 5,5. Os demais passos foram seguidos normalmente. O material obtido foi submetido ao sequenciamento da região V4 do gene rRNA 16S na plataforma MiSeq, com a metodologia *pair-end* pela Macrogen Inc. As sequências foram analisadas com o pacote DADA2 no ambiente R para obtenção das variantes de sequência de amplicons (ASV). Todas as 15 amostras apresentam ao menos um gênero bacteriano que possui o aparato gênico para fixação de nitrogênio (FBN). As sequências com gêneros que possuem espécies com capacidade conhecida de FBN ou de PGPR compreenderam em média cerca de 45% da abundância relativa dos gêneros presentes em cada amostra. O gênero *Bradyrhizobium* foi encontrado em 7 de 15 amostras com 97 ASVs. *Burkholderia* e *Amycolatopsis* foram detectadas em 1 de 15 amostras com 150 e 9 ASVs respectivamente. *S. invicta* abriga grande abundância e diversidade de PGPR. Tanto as sequências de *Bradyrhizobium* quanto *Burkholderia* mostraram alta diversidade de espécies indicando que *S. invicta* pode representar abrigar importantes recursos genéticos microbianos. A abordagem de ASV permitiu a detecção de uma grande diversidade de bactérias dos gêneros aqui reportados e permite afirmar que *S. invicta* pode contribuir para a manutenção e recuperação da diversidade bacteriana dos solos, destacando, ainda, a possibilidade de se obter sucesso com a bioprospecção de PGPR.

Palavras-chave: Formicidae, agroecossistema, rizóbio.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio CAPES - Código de Financiamento 001.



PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO DE PLANTAS DE ABACAXI cv. 'BRS IMPERIAL' POR MEIO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS

Maria Clara Hupp Silva^{1*}; Cintia Paula Feitosa Souza¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza²; Saulo Alves Santos de Oliveira²

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, ² Embrapa Mandioca e Fruticultura. * klarahupp@gmail.com

Microorganismos endofíticos sobrevivem no interior das plantas e interagem com seu hospedeiro muitas vezes de forma benéfica. O conhecimento mais amplo e profundo acerca da comunidade microbiana bem, como a sua manipulação, é de grande importância para a produção agrícola sustentável e a proteção ambiental. Nesse sentido o estudo teve por objetivo avaliar a capacidade de promoção de crescimento de isolados de bactérias endofíticas, provenientes do microbioma associado ao abacaxi (*Ananas comosus* (L.) Merrill) em mudas de abacaxizeiros cv. 'BRS Imperial'. Para isso, isolados bacterianos obtidos de caules de plantas coletadas na cidade de Itaberaba, Bahia, foram utilizados. O experimento contou com 165 plantas em vasos, sendo 10 tratamentos (isolados bacterianos) e o controle (não inoculado). Cada tratamento foi composto por 15 plantas. Mudas de abacaxizeiros em fase de canteiro foram transferidas para vasos de 5L contendo mistura de solo e substrato comercial. Em seguida, os vasos foram aleatorizados em 11 grupos, que foram submetidos à infestação com os isolados bacterianos, além do grupo controle (não infestado). Para o processo de infestação, as suspensões bacterianas foram padronizadas com base no valor de absorbância e ajustadas para uma densidade ótica ($OD_{540} = 0.1$ ou 10^8 UFC). As plantas foram avaliadas com base nos seguintes parâmetros de crescimento: altura da planta (cm), diâmetro da roseta (cm), número de folhas, comprimento da folha 'D' (cm) e largura da folha 'D' (cm). Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Dentre os 10 tratamentos, sete foram capazes de promover o aumento da altura da planta, diferindo significativamente da testemunha (26,98 cm). Os tratamentos que promoveram o maior aumento na altura foram Becpac-381 (28,48 cm), Becpac-388 (29,03 cm) e Becpac-406 (29,40 cm). Em relação ao diâmetro da roseta e comprimento da folha 'D', os isolados não proporcionaram aumento significativo, quando comparados ao controle, sendo que a maioria dos isolados estavam associados a um menor crescimento da roseta e do comprimento da folha 'D', com sete e seis isolados, respectivamente. Os tratamentos não influenciaram no número de folhas, portanto não diferiram significativamente da testemunha. Já para a largura da folha 'D', três isolados induziram de forma significativa o desenvolvimento da folha D e diferiram significativamente do controle. Dentre os tratamentos, o isolado Becpac-406 apresenta o maior potencial de promoção de crescimento, pois foi capaz de promover os maiores valores para altura, diâmetro da roseta, comprimento da folha 'D', Largura da folha 'D', e até mesmo o número de folhas (não significativo). Novos experimentos serão realizados visando a avaliação em nível de campo e impacto na produção.

Palavras-chave: *Ananas*, microrganismos; microbioma.

Agradecimentos: UFRB, EMBRAPA, FAPESB - CAPES/ PNPd, CAPES/ PROCAD, CNPq.



Recursos Genéticos Vegetais

1 - Coleta e Intercâmbio



DIVERSIDADE DE BROMELIACEAE NA COMUNIDADE DO JOTOBÁ, MILAGRES, BAHIA, BRASIL

Everton Hilo de Souza^{1*}; Aurélio José Antunes de Carvalho²; Antônio Ramos da Hora Neto³, Lidyanne Yuriko Saleme Aona¹

¹ Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ² Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Bahiano, Campus de Santa Inês. ³ Associação de Produtores de Ouricuri do Jatobá. * hilosouza@gmail.com

A família Bromeliaceae abriga uma variedade de hábitos, tamanhos, colorações e potencialidades de uso que vão de ornamentais, alimentícias, produção de fibras, enzimas, além de terem considerável função ecológica dentro dos ecossistemas. A Bahia é o estado com maior número de espécies da família (362 spp.). Estudos florísticos são importantes para o conhecimento das espécies existentes em determinadas áreas, fornecem informações sobre a diversidade, distribuição, formas de vida e conservação. O objetivo do trabalho foi realizar o levantamento das espécies de Bromeliaceae na Comunidade do Jatobá (Milagres, BA), avaliar a forma de vida e abundância de espécies em um ecótono. Foi amostrada de forma sistemática uma área de 35 Km² da Comunidade do Jatobá. A forma de vida das espécies foi avaliada como epífita (EPI), rupícola (RUP) e terrestre (TER) e a frequência de plantas foi avaliada como: rara <10 indivíduos (RA); pouco frequente 11 a 50 indivíduos (PF); muito frequente 51 a 250 indivíduos (MF); e abundante >250 indivíduos (AB). Foram observadas 36 espécies pertencentes a 13 gêneros de Bromeliaceae, sendo *Tillandsia* (13 spp.) e *Hohenbergia* (4 spp.) os gêneros mais abundantes e *Alcantarea*, *Cryptanthus*, *Dyckia*, *Encholirium*, *Karawata* e *Neoglaziovia* apresentando apenas uma espécie cada. Quanto a forma de vida, 47% das espécies são epífitas e tem como o licurizeiro (*Syagrus coronata*) o principal forófito, 25% são terrestres, 15 são rupícolas e 14% apresentam mais de uma forma de vida. Das 36 espécies observadas, 36% foram consideradas abundantes, 17% muito frequentes, 25% pouco frequentes e 22% raras. As espécies encontradas bem como a forma de vida e sua abundância na comunidade são: *Aechmea aquilega* (TER/ MF), *A. disjuncta* (EPI/ PF), *A. perforata* (TER/ RA), *Alcantarea nahoumii* (RUP/ AB), *Billbergia euphemiae* (EPI/ PF), *B. portearia* (EPI/ MF), *B. macrocalyx* (TER/ AB), *Cryptanthus bahianus* (TER/ AB), *Dyckia milagrensis* (RUP/ AB), *Encholirium spectabile* (TER/ RUP/ PF), *Hohenbergia blanchetii* (EPI/ RA), *H. flava* (TER/ RUP/ AB), *H. lanata* (EPI/ RA), *H. sandrae* (TER/ EPI/ RA), *Karawata multiflora* (TER/ EPI/ MF), *Neoglaziovia variegata* (TER/ AB), *Orthophytum maracasense* (TER/ RA), *O. rubrum* (TER/ RA), *O. saxicola* (TER/ AB), *Tillandsia gardneri* (EPI/ PF), *T. chapeuensis* (RUP/ AB), *T. geminiflora* (EPI/ RA), *T. juncea* (EPI/ RA), *T. liliacea* (EPI/ MF), *T. milagrensis* (RUP/ AB), *T. polystachia* (EPI/ PF), *T. recurvata* (EPI/ AB), *T. streptocarpa* (EPI/ MF), *T. stricta* (EPI/ MF), *T. tenuifolia* (EPI/ PF), *T. tenuifolia* var. *vaginata* (EPI/ PF), *T. usneoides* (EPI/ AB), *Vriesea neoglutinosa* (RUP/ AB), *V. procera* (EPI/ PF), *Wittmackia bicolor* (TER/ PF) e *W. lingulatoidea* (TER/ RUP/ AB). Esses estudos podem subsidiar a conservação dessas espécies e, futuramente, apoiar a criação de uma unidade de conservação.

Palavras-chave: Bromélias; Conservação; Poales.

Agradecimentos: CAPES/PROCAD, CAPES/PNPD/UFRB e CAPES/DINTER/UFRB.



NECESSIDADE DE COLETAS DE *Cucurbita* spp. EM MUNICÍPIOS DO NORDESTE BRASILEIRO

Carla Maria de Jesus Silva¹; Rita de Cássia Souza Dias²; Echeley Islany da Silva Oliveira³;

^{1,2}Embrapa Semiárido. ²Bolsista CNPq/Embrapa. ³UPE, Campus de Petrolina, PE. *E-mail: carlamjs@yahoo.com.br

A coleta consiste na aquisição de germoplasma de uma população, com intuito de preservar a variabilidade genética das espécies, que é conservada em Bancos de Germoplasma, bem como pode ser utilizada em programas de melhoramento genético para diferentes finalidades. Entretanto, devido às alterações climáticas e à ação do homem, pode haver perda na diversidade genética (erosão genética). Para evitar essa perda, as coletas realizadas principalmente no Nordeste brasileiro, há a conservação do Germoplasma de Abóbora (*Cucurbita moschata*) e Jerimum Caboclo (*C. maxima*) no Banco Ativo de Germoplasma de *Cucurbita* do Semiárido. O objetivo deste trabalho foi identificar os municípios que atualmente apresentam uma produção elevada de abóbora no Nordeste brasileiro, mas que ainda não tem amostras coletadas e conservadas no BGC da Embrapa Semiárido. Para tanto, foi realizado um levantamento no site do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE dos municípios do Nordeste Brasileiro de maior produção de *Cucurbita* spp. em 2017. Em seguida, comparou-se com as informações de passaporte do BGC, disponibilizadas no Sistema Alelo da Embrapa. O Banco de Germoplasma (BAG) de *Cucurbita* da Embrapa Semiárido (BGC) dispõe de 1431 acessos, coletados em 74 municípios de diferentes estados do Nordeste brasileiro e também em Minas Gerais. No entanto, comparando-se os dados dos maiores produtores de abóbora do Nordeste, referenciados pelo IBGE (2020), observou-se que os municípios, que se destacaram na produção dessa olerícola em 2017, mas não possuem coletas de amostras do seu germoplasma e, conseqüentemente, não estão conservados no BGC da Embrapa Semiárido. São quatro estados e oito municípios: Pernambuco (Petrolândia); Bahia (São Desidério, Nova Redenção, Laje, São Felix do Coribe); Rio Grande do Norte (Baraúna, Rio do Fogo) e Piauí (São Gonçalo do Piauí). Portanto, é interessante realizar coletas do Germoplasma que está sendo cultivado nestas localidades, para comparação da variabilidade existente no BGC e evitar perdas futuras.

Palavras-chave: *Cucurbita* sp.; Erosão genética; Banco de Germoplasma

Agradecimentos: Agradecimentos ao CNPq e a Embrapa pela bolsa concedida à primeira autora.



Recursos Genéticos Vegetais

2 - Etnobotânica



GERMINAÇÃO DE AQUÊNIOS DE MORANGO DA CULTIVAR 'MOJAVE'

Joabe Meira Porto^{1*}, Jéssica Aguiar Santos², Edenilson Batista Ribeiro²,
Débora Leonardo dos Santos³

¹UFLA - Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brasil.

²UESB - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. ³Docente do Departamento de Ciências Naturais da UESB.

*E-mail do autor apresentador: joabemporto@gmail.com

Os aquênios de morango *Fragaria x ananassa* Duch possuem dormência tegumentar, o que impossibilita sua germinação em condições normais. Técnicas para a superação de dormência são necessárias para viabilizar a produção de plântulas (clones) para cultivo e seleção de melhoramento genético dessa espécie. Assim, este estudo teve por objetivo verificar o efeito do ácido sulfúrico na superação de dormência na germinação de aquênios de morangueiro em diferentes condições e tratamentos. Aquênios obtidos de frutos de morango cultivados em estufa no sistema tipo semi-hidropônico suspenso e livre de agrotóxicos foram beneficiados e armazenados em geladeira no Laboratório de Biodiversidade do Semiárido na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Aquênios de morango, frescos e armazenados por 60 dias, foram imersos em ácido sulfúrico concentrado, por 0 (controle), 5, 10 e 15 min, e, após serem lavados em água corrente, foram colocados para germinar em placas de Petri esterilizadas, forradas com duas folhas de papel filtro, tipo Germitest saturado com água destilada. Os dados foram avaliados por meio da análise de variância e teste de Tukey à 5% de probabilidade, utilizando o Programa PAST. As análises demonstraram que os tratamentos, a condição dos aquênios e a interação entre eles foram significativos, com valores inferiores a ($P < 0,05$). A porcentagem de germinação dos aquênios armazenados foi mais alta do que dos aquênios frescos. Os tratamentos com o ácido sulfúrico não foram eficientes para os aquênios frescos por que todos os tratamentos foram iguais ao controle. Nos aquênios armazenados os tratamentos foram eficientes quando comparados com o controle, no entanto não houve diferença entre os tratamentos. Quanto à condição dos aquênios, em todos os tratamentos com o ácido sulfúrico, a germinação foi melhor nos aquênios que foram armazenados em comparação com os frescos. Pelos resultados obtidos, pôde-se concluir que a eficiência da escarificação com ácido sulfúrico foi dependente do armazenamento dos aquênios em geladeira, sugerindo que ocorre uma interação entre esses fatores.

Palavras-chave: Dormência, escarificação química, ácido sulfúrico.



A TRADIÇÃO QUE PERMEIA O USO DE *Butia odorata* EM PELOTAS E CAPÃO DO LEÃO (RS)

Julia Goetten Wagner¹; Jéssica Gonzalez Cruz¹; Tatieli Silveira¹; Márcia Vizzotto²; Rosa Lía Barbieri³

¹UFPel – Universidade Federal de Pelotas. ²Embrapa Clima Temperado. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. * goettenj@hotmail.com.

Butia odorata (Barb. Rodr.) Noblick é uma palmeira, pertencente à família Aecaceae, que ocorre ao leste do Uruguai e ao sul do Brasil. A espécie tem importância sociocultural e ecológica, e é muito apreciada devido aos frutos, os butiás, que são utilizados para consumo *in natura* e em receitas. Apesar de fazer parte da construção histórica das comunidades do Pampa, a espécie encontra-se ameaçada de extinção, bem como seus conhecimentos associados. Considerando o declínio das populações naturais e o risco de extinção desse produto da sociobiodiversidade, o objetivo desse levantamento etnobotânico foi fazer o resgate de conhecimentos e usos de *B. odorata* nos municípios de Pelotas e Capão do Leão (RS). O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa sob o número 03530418.1.0000.5317. Foram realizadas 14 entrevistas semiestruturadas, quatro em Capão do Leão e dez em Pelotas, onde foram levantadas questões relacionadas ao uso, manejo e percepções sobre o estado de conservação da espécie. Utilizou-se a técnica bola de neve para aumento do esforço amostral, e para estimar a distribuição do conhecimento entre os grupos de gênero (feminino e masculino) e escolaridade (até o ensino médio e ensino superior) e foi calculado o Índice de Valor de Diversidade de Uso (VDU), o qual foi submetido ao teste estatístico Mann Whitney no programa Genes. Foram entrevistados sete homens e sete mulheres, que mencionaram nove formas de uso para a espécie, sendo a utilização para sucos (n=10) a mais comum, seguida de consumo *in natura* (n=8). Não houve diferença de distribuição de conhecimento para as formas de uso entre os grupos, entretanto as mulheres apresentaram maior tendência de diversidade de uso ($VDI = 0,3650 \pm 0.08$) quando comparadas aos homens ($VDI = 0,2875 \pm 0.16$), devido ao fato de as mulheres terem mencionado mais preparações culinárias (como geleias, bolos e mousse). Ao passo que, os homens, mais mencionaram a utilização dos frutos para confecção de cachaça, representando 72% de todas as menções. O emprego ornamental foi mencionado por três entrevistados, e “doação” foi mencionada como uma das principais formas de uso para a espécie por cinco informantes, quatro deles integrantes do grupo de menor escolaridade. O levantamento evidenciou que os butiazeiros estão vinculados à construção da cultura local e da identidade gaúcha. Também foi constatado que a conservação e o cultivo de *B. odorata* é motivado pelo vínculo afetivo que se estabelece com a espécie desde a infância, bem como aos benefícios que o consumo dos frutos proporciona à saúde.

Palavras-chave: Butiazeiro; sociobiodiversidade; etnobotânica.

Agradecimentos: À Capes e MCTIC/CNPq (processo Nexus 441493/2017-3).



LEVANTAMENTO ETNOBOTÂNICO DA UTILIZAÇÃO SOCIOECONÔMICA DA CARNAÚBA EM REGIÕES DO NORDESTE BRASILEIRO

Matheus Gomes da Costa¹; Verônica Brito da Silva²; Regina Lucia Ferreira Gomes²; Ângela Celis de Almeida Lopes²; Gérson do Nascimento Costa¹; Kenne Warley dos Santos Rocha²; *Manoel Braz* da Silva Junior³; Marilha Vieira Brito^{2*}

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Federal do Piauí. ³Instituto Federal do Maranhão. *E-mail do autor apresentador: marilhabio@hotmail.com

A carnaúba (*Copernicia prunifera* (Miller) H.E. Moore) é bastante conhecida no sertão nordestino brasileiro, apresentando uma grande concentração nos estados do Ceará, Maranhão, Piauí e Rio Grande do Norte. Essa palmeira é uma das principais fontes de renda para comunidades que residem no semiárido nordestino. Tendo em vista sua importância socioeconômica, bem como os riscos associados à sua extração desordenada, o presente estudo teve como objetivo realizar um levantamento etnobotânico acerca da utilização da carnaúba para fins econômicos, bem como verificar a existência de possíveis ações que provoquem sua degradação. Para o levantamento dos dados foi utilizado o método de amostragem não probabilística, por meio de um questionário contendo 10 perguntas abertas e fechadas, criado na plataforma *Microsoft Forms* e disponibilizado aos entrevistados via redes sociais no período de dezembro de 2019 a junho de 2020. Ao todo, foram 130 envolvidos: 43 participantes do estado do Piauí, das cidades de Campo Maior, Oeiras e Bom Jesus do Piauí e, 87 do estado do Maranhão, das cidades de Afonso Cunha, Anapurus, Brejo, Coelho Neto, Buriti, Chapadinha, Codó e Duque Bacelar. A partir da verificação dos dados, observou-se que 78% dos entrevistados eram do sexo masculino e 22% do sexo feminino, com idades entre 22 a 65 anos. Todos os entrevistados utilizam a carnaúba como fonte de renda, no qual 50% dos envolvidos utilizam a palha da carnaúba para a fabricação de vassouras, 19% utilizam frutos e raízes para produção de garrafadas (medicamentos fitoterápicos caseiros), 16% utilizam as palhas para cobertura de casas e 15% realizam a extração da palha para revenda à empresas produtoras de cera, sendo, portanto atividades extrativistas artesanais sustentáveis que contribuem para o manejo sustentável da carnaúba. Também foi questionado se os participantes da pesquisa tinham conhecimento de ações que ameaçam os carnaubais: 40% mencionou a derrubada de carnaúbas para o plantio, 10% mencionou o abandono das atividades extrativistas, 50% dos entrevistados não quiseram ou não souberam responder. Diante do exposto, pode-se dizer que os entrevistados utilizam economicamente a carnaúba extraindo palhas, frutos ou raízes, evidenciando a necessidade do desenvolvimento de ações para conservação dos recursos genéticos desta espécie, visto que o processo de extração aumentou significativamente nos últimos anos.

Palavras-chave: *Copernicia prunifera*; Extrativismo; Manejo sustentável.



PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS NA REGIÃO DO MÉDIO SÃO FRANCISCO

Sueli Rodrigues da Silva¹; Margareth Pereira Novaes²; Roberta Machado Santos^{3*}

^{1,2,3} Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano. *E-mail do autor apresentador: roberta.santos@ifbaiano.edu.br

As plantas alimentícias não convencionais (PANC) são todas aquelas que possui uma ou partes que podem ser utilizadas na alimentação humana, muitas vezes são consideradas invasoras ou indesejáveis, geralmente são exóticas, nativas, silvestres espontâneas ou cultivadas, assim são recursos genéticos com usos potenciais inexplorados. São adaptadas às condições de solo e clima local, elementos fundamentais para o melhoramento genético, o que justifica a conservação desses recursos genéticos vegetais cada vez menos utilizados e que representam uma importante fonte de biodiversidade alimentar. O objetivo do presente trabalho foi realizar um levantamento da diversidade de espécies de PANC em uma comunidade do Médio São Francisco. Foram realizadas 3 (três) visitas na feira livre município de Xique-Xique/BA localizado na região Semiárida do Vale do Médio São Francisco, no período de fevereiro a março de 2019. Questionários semiestruturados foram aplicados no intuito de identificar o conhecimento e o consumo de espécies direcionado para consumidores e feirantes a fim de obter informações sobre o consumo e uso de PANCs. Foram realizadas 142 entrevistas, sendo 58% do sexo feminino e 85% residiam na zona urbana. Os entrevistados 76,7% não conheciam o termo PANC, contudo 80% dos participantes confirmaram que consumiam plantas que não são encontradas em feiras e/ou hortifrutos e/ou supermercado. Ao serem questionados como iniciaram o consumo das PANC, 56,3 % sinalizaram que é uma questão cultural, que foi passado por gerações anteriores. Dentre as plantas citadas pelos participantes foram observadas 11 famílias (Annonaceae, Arecaceae, Asteraceae, Aristolochiaceae, Chrysobalanaceae, Fabaceae, Myrtaceae, *Pontederiaceae*, Melastomataceae, Annonaceae). Foram citadas 14 espécies diferentes, sendo 3 utilizadas como plantas medicinais, *Amburana cearenses* A.C. Smith, *Cenostigma pyramidale* (Tul.) E. Gagnon & G. P. Lewis e *Egletes viscosa* (L.) Less. . As outras 11 espécies possuem potencial alimentício, consumo in natura de frutos ou raiz tuberosa, com destaque para *Couepia uiti* (Mart.) & Zucc.) Benth. ex Hook. f., *Eichhornia* sp., *Mouriria guianensis* Aubl., *Hymenaea courbaril* L., *Solanum capsicoides* All. e *Annona spinescens*. 90,9% destas plantas são encontradas nas margens de rios ou em áreas de alagadiço, devido ao período de escassez de chuvas, refletiu diretamente na sua sobrevivência. O conhecimento da utilização das PANC ainda é incipiente, necessário estudos sobre o potencial nutricional e alimentício, além disto ações devem ser promovidas para a produção e consumo.

Palavras-chave: Etnobotânica; Semiárido; PANC.

Agradecimentos: Ao IF Baiano pelo apoio financeiro ao projeto e à concessão da bolsa PIBEX.



ETNOBOTÂNICA DE GOIABEIRAS NA REGIÃO MEIO NORTE DO BRASIL

Maria Francisca de Sousa Silva^{1*}; Antonia Maria Lima Teixeira¹; Letícia Lima Souza¹; Renata Dourizete Costa Campos¹; Thaísa Viana da Silva¹; Géron do Nascimento Costa¹.

¹Universidade Estadual do Maranhão. * franciscasousa.uema@gmail.com.

Estudos etnobotânicos são extremamente importantes para a conservação e entendimento do uso de recursos genéticos vegetais. Sabe-se que desde os primórdios, o homem utiliza-se de plantas medicinais, tendo o conhecimento de uma infinidade de chás que servem para inúmeras enfermidades, e toda essa informação popular é muito útil para a criação de drogas e para a manutenção dessas plantas na natureza. Tendo por base a importância do conhecimento popular acerca do potencial terapêutico de algumas espécies vegetais e a escassez de trabalhos na região, objetivou-se fazer um levantamento sobre os efeitos medicinais da goiabeira (*Psidium guajava* L.), seus usos e popularidade na região Meio Norte do Brasil. Para o levantamento foi realizado um questionário através do *Google Forms* com sete perguntas abertas e fechadas e sua disponibilização foi feita através das redes sociais para habitantes dos estados do Piauí e Maranhão. Ao todo foram 121 participantes, 54,24% do sexo feminino e 45,76% do sexo masculino, com idades entre 13 e 75 anos. Quando questionados sobre a existência de goiabeiras em seus lares, 56% afirmaram ter esta planta em casa, o que colabora com a evidência de que haja diversidade de goiabas na região. Quanto ao conhecimento do uso medicinal dessa planta, obteve-se que 69% das pessoas têm conhecimento do potencial terapêutico da goiabeira, no entanto, ainda há muitos que não detêm essa informação. Ao serem indagados sobre já terem feito o uso ou terem conhecimento de alguém que faz chás provenientes dessa planta, 50% responderam “sim”, o que revela que 19% sabem do uso terapêutico desta planta, mas ainda não a utilizam. Sobre as finalidades para quais os chás podem ser utilizados, apareceram respostas como: dor de barriga, enjoo, diarreia, cólica menstrual, má digestão, dor de garganta, fortalecimento da imunidade, inflamações, infecção urinária e febre. Por fim, questionou-se sobre quais partes da planta eram utilizadas no preparo dos chás e os resultados foram: 69,6% - folhas adultas; 42% - brotos; 2,7% - polpa; 6,3% - sementes; 10,7% - casca do fruto e 4,5 % - flores. Na região meio norte, além do uso do fruto da goiabeira para o consumo, os participantes da pesquisa foram capazes de indicar a goiabeira como fitoterápico e consideraram importante a manutenção dessas em suas residências, tal comportamento evidencia a importância de futuros estudos farmacológicos e de conservação de recursos genéticos de goiaba na região.

Palavras-chave: Fitoterápico; *Psidium guajava*; Recursos genéticos.



Recursos Genéticos Vegetais

3 - Caracterização e Avaliação



CARACTERIZAÇÃO DE ELEMENTOS GENÔMICOS REPETITIVOS, GENES E ROTAS METABÓLICAS EM ESPÉCIES ARBÓREAS DA MATA ATLÂNTICA VIA *NEXT GENERATION SEQUENCING*

Valdir Marcos Stefenon^{1*}

¹Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail: valdir.stefenon@ufsc.br.

Os avanços das tecnologias de sequenciamento de DNA e das ferramentas de bioinformática permitiram descobrir padrões genômicos peculiares, genes e vias metabólicas importantes em animais e plantas de valor agrônomo. A região sul da Mata Atlântica abriga diversas espécies arbóreas com importância econômica, ecológica e cultural ainda pouco exploradas genomicamente. Este estudo objetivou caracterizar elementos repetitivos genômicos, genes e rotas metabólicas de espécies arbóreas da Mata Atlântica utilizando sequenciamento de nova geração (NGS), visando agregar valor a estes recursos genéticos. O DNA total de *Campomanesia xanthocarpa* (Mart.) O. Berg, *Eugenia uniflora* L., *Ilex paraguariensis* A. St.-Hil., *Mimosa scabrella* Benth., *Ocotea catharinensis* Mez. e *Varronia curassavica* Jacq. foi isolado e o sequenciamento parcial dos genomas realizado em plataformas NGS MinION Nanopore, IonTorrent PGM ou Illumina MiSeq. Sequências com qualidade *Phred-score* >20 foram montadas *de novo* e os dados avaliados usando diferentes abordagens. Para todas as espécies, retrotransposons LTR foram os elementos repetitivos mais frequentes. *Ty1/Copia* é a principal família LTR em cinco espécies, enquanto *Gypsy/DIRS1* prevalece em *M. scabrella*, que apresentou o maior conteúdo de elementos repetitivos (6,86%) em relação ao total de bases sequenciadas. A menor proporção foi observada em *C. xanthocarpa* (2,68%). O número total de locus SSR prospectados variou de 2.576 (*C. xanthocarpa*) a 21.129 (*E. uniflora*). Dímeros são a classe mais comum (71,8%), seguido por trímeros (24,21%), tetrameros (2,62%), pentâmeros (0,83%) e hexâmeros (0,54%). Entre 12.434 e 67.625 genes foram identificados, além de rotas metabólicas com potencial aplicação agrônoma (resposta a estresse) e farmacêutica (biossíntese de antioxidantes) ainda não exploradas. Retrotransposons *Gypsy* e *Copia* são distribuídos de forma diferenciada em plantas, sendo *Gypsy* geralmente mais comuns do que *Copia*. O padrão oposto em cinco espécies avaliadas neste estudo, bem como em outros estudos, permite sugerir que o maior número de elementos *Copia* é característico em várias espécies arbóreas. Esses sequenciamentos possuem elementos para o desenvolvimento de marcadores baseados na análise de retrotransposons LTR (AFLP-LTR) e SSR para as espécies estudadas, além de apresentar elementos para compreender melhor seus padrões evolutivos genômicos. As rotas metabólicas com potencial aplicação agrônoma e farmacêutica agregarão valor econômico a estes recursos genéticos.

Palavras-chave: Biotecnologia; genômica; marcadores moleculares

Agradecimentos: Ao NPFT/UFSC por disponibilizar *reads* de quatro espécies



PLANTAS EXIBINDO ALELOPATIA A CORDA-DE-VIOLA (*Ipomoea purpurea* L.)

Lucas A. de Castro¹; Danillo O. Beltrão¹; Eder Marques^{1*}

¹Upis – Faculdades Integradas, Brasília-DF. *eder.marques.08@gmail.com.

As plantas daninhas estão entre os principais problemas fitossanitários. O controle destas pragas tem sido feito, basicamente, com uso de herbicidas sintéticos, o que tem acarretado problemas de resistência às moléculas mais utilizadas e indica a necessidade da busca por medidas alternativas e sustentáveis de manejo, incluindo recursos genéticos vegetais com potencial alelopático. O presente estudo teve como objetivo investigar a alelopatia do extrato bruto de 18 plantas, sobre a germinação de sementes da corda-de-viola (*Ipomoea purpurea* L.). Os ensaios foram realizados em delineamento inteiramente casualizado, com 18 tratamentos (extratos vegetais) e a testemunha, cada um englobando quatro repetições de 50 sementes. O efeito alelopático foi avaliado através da utilização de 4 mL dos extratos brutos aquosos das plantas, a uma concentração de 35%, aplicados em gerbox que continham três folhas de papel germitest e as sementes. A leitura da germinação foi realizada diariamente, até que todas emitissem a radícula. Os dados foram utilizados para cálculo do índice, tempo e velocidade de germinação e posterior comparação das médias pela ANOVA (Análise de Variância). Os resultados dos ensaios mostraram que várias plantas exerceram efeito alelopático negativo sobre a germinação de sementes de corda-de-viola, ou seja, atrasaram a germinação, com destaque para: manjerição (*Ocimum basilicum* L.), alecrim (*Rosmarinus officinalis* L.), arruda (*Ruta graveolens* L.), terramicina (*Alternanthera brasiliana* L. Kuntze), titônia (*Tithonia* sp.), capim-santo (*Cymbopogon citratus* D.C. Stapf.), hortelã (*Mentha spicata* L.), mamona (*Ricinus communis* L.) e lavanda (*Lavandula dentata* L.). Por outro lado, os extratos de guaco (*Mikania glomerata* Spreng.) e flor-da-fortuna (*Kalanchoe* sp.) exerceram alelopatia positiva, ou seja, aceleraram a germinação. Nenhum dos tratamentos interferiu no índice germinativo das sementes. Novos estudos serão realizados no intuito de se verificar a alelopatia de diferentes concentrações dos extratos destas plantas, além de testes em plântulas.

Palavras-chave: efeito alelopático; germinação; plantas daninhas.

Agradecimentos: a UPIS – Faculdades integradas pelo suporte na realização do trabalho.



PLANTAS COM PROPRIEDADE ANTIFÚNGICA

Joaquim G. de Mendonça-Neto; Caroline da S. Pinto; Maria E. N. Ferreira;
Camila, R. Lobo; Liza E. Chagas; Eder Marques^{*}

¹UPIS Faculdades Integradas. *: eder.marques.08@gmail.com.

Dentre os microrganismos, os fungos são os patógenos de plantas de maior representação e que causam grandes perdas de importância econômica. O controle destes fitopatógenos tem sido realizado basicamente como o uso de fungicidas sintéticos, o que torna necessário a busca por métodos alternativos e sustentáveis de manejo. Desta forma, alguns estudos têm sido desenvolvidos na prospecção de recursos vegetais com propriedades antifúngicas. Diante do exposto, foi objetivo deste trabalho avaliar o potencial fungicida do extrato de 24 plantas, contra cinco fungos fitopatogênicos: *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib) de Bary, *Stromatinia cepivora* (Berk.) Whetzel, *Fusarium oxysporum* Smith & Swingle, *Colletotrichum gloesporioides* (Penz.) Sacc. e *Verticillium dahliae* Kleb. Para a avaliação do potencial antifúngico, os extratos foram preparados através da liquidificação das plantas em água destilada. Estes foram incorporados ao meio de cultura BDA (Batata-Dextrose-Agar) para uma concentração final de 35% e autoclavados. Após o preparo, discos de BDA colonizados pelos fungos mencionados acima foram adicionados ao centro de cada placa com os respectivos tratamentos (extratos vegetais). Quando os tratamentos controle (meio BDA sem extrato vegetal) colonizaram toda a placa de Petri, os diâmetros das colônias dos fungos foram mensurados e os dados utilizados para calcular o índice de Inibição de Crescimento Micelial (ICM). Os testes mostraram que quase todos os extratos vegetais apresentam alguma atividade antifúngica. De maneira geral, os extratos de manjerição (*Ocimum gratissimum* L.), lavanda (*Lavandula dentata* L.), guaco (*Mikania glomerata* Spreng), arruda (*Ruta graveolens* L.), mandioca brava (*Manihot esculenta* Crantz) e jamelão (*Syzygium cumini* L.) foram os que se destacaram, com ICMs dos fungos testados acima de 50%. Novos estudos estão sendo conduzidos para avaliar a atividade dos extratos vegetais sem autoclavagem, para determinar a concentração inibitória mínima, bem como o efeito da mistura de diferentes extratos vegetais e testes de antagonismo *in vivo*.

Palavras-chave: fungitoxicidade; fungicidas botânicos; plantas antimicrobianas.

Agradecimentos: a UPIS – Faculdades Integradas pelo apoio na condução dos experimentos.



AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE FRUTOS DE MACAÚBA: IMPLICAÇÕES PARA ESTUDOS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA

Ana Valéria Costa da Cruz¹; Beatriz da Silva Rodrigues¹; Clarissa Gomes Reis Lopes¹; Marcones Ferreira Costa^{1*}

¹Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor apresentador: marconescosta@ufpi.edu.br.

Espécies nativas podem ser geneticamente caracterizadas com a ajuda de descritores botânicos e morfológicos. Assim, a análise biométrica de frutos pode contribuir para o estudo da divergência e variabilidade genética entre populações e indivíduos de uma mesma espécie. Apesar da importância desses estudos, a utilização desta abordagem ainda não é comum. Sendo assim, este trabalho teve como objetivo realizar a biometria dos frutos de populações naturais de macaúbas (*Acrocomia aculeata*), coletadas em uma área de transição no município de Fortuna no Maranhão, como subsídios para estudos de divergência genética. Para isso, foram caracterizados 400 frutos. As variáveis analisadas foram: comprimento, diâmetro, peso e relação comprimento/diâmetro (C/D) dos frutos. Em seguida, procederam-se as análises estatísticas univariadas, que compreenderam medidas de posição (valores mínimos, máximos e média) e medidas de dispersão e assimetria (coeficientes de variação, de assimetria e curtose). Os resultados obtidos a partir das análises univariadas evidenciam a presença de variação fenotípica entre as macaúbas. Com relação ao comprimento do fruto verificou-se uma amplitude de variação de 2,98 a 4,978 cm, apresentando comportamento assimétrico à direita, devido o valor do coeficiente de assimetria ser maior que zero ($S > 0$). A partir dos dados amostrados 55% dos frutos apresentam tamanho médio e 45% dos frutos apresentam tamanho considerado como grande. A característica diâmetro do fruto apresentou tendência para uma distribuição normal conforme o resultado do teste de Shapiro-Wilk ($p = 0,19$) com valores variando entre 3,067 a 4,951 cm. Em relação a esta variável, 55% dos frutos foram classificados como largos por apresentarem medidas entre 4,0 e 4,7 cm e 45% foram definidos como frutos intermediários com medidas entre 3,0 a 4,0 cm. Os frutos apresentaram peso entre 10,35 e 45,77 g, de modo que 80% são classificados como muito leve, com frutos pesando entre 10 e 20 g, enquanto 15% foram classificados com peso leve entre 21 a 40 g e apenas 5% foram classificados como pesados, com variação entre 41 a 46 g. Os valores para a característica relação (C/D) estiveram entre 0,76 a 1,127 cm, de modo que 85% dos frutos amostrados apresentam forma plana ($C/D < 1$) e 15% formado ovoide ($C/D > 1$) e nenhum apresentou forma globosa. Deste modo, as variáveis biométricas quantificadas são eficazes na distinção da macaúba, sendo assim, são importantes marcadores morfológicos que podem auxiliar na diferenciação de genótipos e contribuir para estudos de divergência genética.

Palavras-chave: *Acrocomia aculeata*; biometria; caracterização.

Agradecimentos: Universidade Federal do Piauí.



AVALIAÇÃO DA SUSCETIBILIDADE DE *Mycosphaerella fragariae* e *Sphaerotheca maculata* f. sp. *fragariae* EM NOVAS CULTIVARES DE MORANGUEIRO

Douglas André Wurz^{1*}; Mauro Nizer¹; Alcemir Nabir Kowal¹; Rabechlt Stange Almeida¹; Antônio Felipe Fagherazzi²; Leo Rufato²

¹Instituto Federal de Santa Catarina, Câmpus Canoinhas. ²Universidade do Estado de Santa Catarina, Centro de Ciências Agroveterinárias. *douglas.wurz@ifsc.edu.br

A disponibilidade de poucas cultivares de morangueiro oferecidas aos produtores brasileiros e a utilização intensiva de apenas uma ou duas cultivares em uma propriedade rural fazem com que uma série de problemas possam surgir, como uma maior suscetibilidade de ocorrência a doenças e pragas. Faz-se necessário introduzir e avaliar o potencial de cultivo de novos genótipos de morangueiro, e uma importante avaliação da adaptação de novos genótipos é a suscetibilidade a doenças fúngicas. O morango pode sofrer diversos danos, sendo os fungos os principais responsáveis por um maior número de doenças no morangueiro, com destaque para mancha de micosferela (*Mycosphaerella fragariae*), e o oídio (*Sphaerotheca maculata* f. sp. *fragariae*). Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a suscetibilidade a mancha de micosferela e o oídio em novos genótipos com potencial de cultivo no Planalto Norte Catarinense. O experimento foi realizado durante os meses de maio a dezembro de 2019, na área experimental do Instituto Federal de Santa Catarina – Campus de Canoinhas/SC. Foram utilizadas plantas de cultivares e seleções Italianas, sendo estas: Pircinque, Jonica, FRF LAM 269.18, FRF PA 109.2 e FRF 104.1, e cultivares já tradicionalmente cultivadas no Brasil, Albion e San Andreas. Os genótipos Pircinque, Jonica, FRF LAM 269.18, FRF PA 109.2 e FRF 104.1 foram criados pelo CREA-FRF e, através de acordo com o Centro de Ciências Agroveterinárias da Universidade do Estado de Santa Catarina, elaboraram convenção para experimentação e difusão do material genético de morangueiro de origem italiana no Brasil. A incidência da micosferela e do oídio foram avaliadas pela ausência ou presença de sintomas, e a severidade da micosferela foi avaliada com a escala diagramática. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com 3 blocos e 15 plantas por repetição. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott Knott a 5% de significância. Observou-se para a incidência de oídio diferenças de suscetibilidade entre as cultivares, com incidência da doença apenas nos genótipos FRF LAM 269.18, FRF 104.1 e Albion, com valores de 2,5, 3,6 e 3,5%, respectivamente, sendo que os demais genótipos não apresentaram a presença do oídio. Em relação a micosferela, todos os genótipos avaliados apresentaram a presença da doença, em igual nível de ocorrência, tanto para a variável incidência quanto para severidade, indicando que todos os genótipos avaliados são suscetíveis a mancha de micosferela. Observou-se valores médios de 30% de incidência e de 0,24 de severidade da micosferela. Conclui-se que os genótipos avaliados apresentam suscetibilidade semelhante em relação a mancha de micosferela. As cultivares FRF LAM 269.18, FRF 104.1 e Albion demonstram serem suscetíveis ao Oídio.

Palavras-chave: Micosferela, oídio, adaptação de cultivares.

Agradecimentos: Universidade do Estado de Santa Catarina e Instituto Federal de Santa Catarina.



AVALIAÇÃO DO POTENCIAL DE ENRAIZAMENTO DE ESTACAS LENHOSAS DE DEZESSETE PORTAENXERTOS DE VIDEIRA

Douglas André Wurz^{1*}; Nelson Pires Feldberg²; Alcemir Nabir Kowal¹; Simone de Oliveira¹; Thalia Aparecida Silva Maciel¹; Cleiton Arendartchuck¹

¹Instituto Federal de Santa Catarina, Câmpus Canoinhas. ²Embrapa Clima Temperada – Estação Experimental de Canoinhas/SC. *douglas.wurz@ifsc.edu.br

A capacidade de formar raízes de estacas lenhosas depende de vários fatores, dentre eles: genético, o balanço nutricional, condições fisiológicas, época de multiplicação e balanço hormonal. Apesar de trabalhos demonstrarem que não há dificuldade no enraizamento das estacas para produção de portaenxertos de videira, quando propagados por estaquia lenhosa, há cultivares com baixo enraizamento, tornando-se uma barreira para a produção de mudas. Nesse contexto, tem-se como objetivo deste trabalho avaliar o potencial de enraizamento de dezessete portaenxertos de videira. O presente trabalho foi realizado em Canoinhas – SC, em 2019. Ramos lenhosos dos portaenxertos de videira 99 R, 110 R, 420 A Mgt, 101-14 Mgt, IAC 766, IAC 313, IAC 572, Courdec 3309, Freedom, Gravesac, Harmony, Kober 5BB, Paulsen 1103, Salt Creek, Solferino, SO4 e VR043-43 foram coletados no período de repouso vegetativo, de matrizes da EMBRAPA – Estação Experimental de Canoinhas. O material vegetativo foi preparado na área experimental do Instituto Federal de Santa Catarina – Câmpus Canoinhas, em um delineamento experimental em blocos casualizados, com quatro blocos e 50 estacas em cada repetição. Após 45 dias foram avaliados parâmetros qualitativos na propagação por estacas: porcentagem de enraizamento (consideradas estacas enraizadas aquelas que apresentavam, no mínimo, uma raiz); número (raízes estaca⁻¹) e comprimento médio de raízes (cm). Os resultados obtidos foram submetidos à análise de variância, e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott, a 5 % de probabilidade. Para a variável enraizamento (%) observou-se maiores valores para os portaenxertos 101-14 Mgt, IAC 572, Courdec 3309, Freedom, Gravesac, Harmony e Paulsen 1103, com valores superiores a 85%. Já os portaenxertos 110 R, 420 A Mgt e VR 043-43 apresentam os menores valores de enraizamento, com valores abaixo de 30%. Para a variável número de raízes, observou-se, que portaenxertos que propiciaram altos índices de enraizamento, também resultaram em maior número de raízes estaca⁻¹. O maior número de raízes estaca⁻¹ foi observado nos portaenxertos 101-14 Mgt, Courdec 3309, Gravesac e Harmony, com valores observados superiores e 20 raízes estaca⁻¹. Os portaenxertos 110 R, 420 A Mgt e VR 043-43 apresentam os menores valores para a variável número de raízes. Os portaenxertos 101-14 Mgt, Courdec 3309, Freedom, Gravesac e Harmony apresentaram maiores valores para a variável comprimento de raízes, com valores entre 7,9 a 10,1 cm, enquanto os portaenxertos 110 R, 420 A Mgt e VR 043-43, apresentaram os menores valores. Conclui-se que os portaenxertos 101-14 Mgt, IAC 572, Courdec 3309, Freedom, Gravesac, Harmony e Paulsen 1103 apresentam facilidade de enraizamento e propagação, enquanto os portaenxertos 110 R, 420 A Mgt e VR 043-43 apresentam dificuldades de propagação.

Palavras-chave: Propagação vegetativa, estaquia, viticultura.

Agradecimentos: Embrapa Clima Temperada – Estação Experimental de Canoinhas e Instituto Federal de Santa Catarina.



POLIMORFISMO CARIOTÍPICO DE HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA EM ACESSOS DE PIMENTAS DO GÊNERO *Capsicum* L.

Breno Machado de Almeida^{1*}; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹; Lívia do Vale Martins¹; Verônica Brito da Silva¹; Lidiane de Lima Feitoza¹

¹Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor apresentador: brenomachado47@gmail.com

O gênero *Capsicum* L. têm como representantes as pimentas e pimentões, pertence à família das solanáceas, e são amplamente apreciadas na culinária mundial pelo seu ardor e sabor peculiar. A caracterização citogenética é uma eficiente metodologia que permite obter informações sobre as variações citológicas de *Capsicum*, possibilitando o planejamento e a execução de estratégias adequadas ao melhoramento genético e a conservação dos recursos genéticos do gênero. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo conhecer o cariótipo, bem como mensurar a percentagem de heterocromatina constitutiva (HC) em 16 acessos de pimentas *Capsicum* L. cultivadas pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI), utilizando os fluorocromos CMA₃ e DAPI. Todos os acessos avaliados apresentaram número básico $2n = 24$, núcleo interfásico semirreticulado e padrão de condensação profásico proximal *Solanum*-like. Bandas CMA ocorreram predominantemente nas regiões terminais e variaram de altamente e moderadamente repetitiva em relação à composição de guanina-citosina (GC). Bandas DAPI não foram visualizadas. Detectou-se a variação de HC 3,14% em *C. annuum* (BAGC 114) a 8,72% em *C. baccatum* (BAGC 81). Em *C. annuum*, a quantidade de HC variou entre 3,14% (BAGC 114) a 4,29% (BAGC 220). Em acessos pertencentes à *C. chinense*, os valores divergiram entre 4,36% (BAGC 120) a 8,53% (BAGC 91). No único acesso de *C. frutescens* (BAGC 117), a HC equivale a 8,57% do genoma total. Em *C. baccatum*, a percentagem de HC oscilou entre 5,65% (BAGC 157) a 8,72% (BAGC 81). A literatura também reporta valores heterocromáticos diferentes para as espécies *C. annuum* (1,80% a 2,88%), *C. chinense* (3,91% a 5,52%), *C. frutescens* (5,55%) e *C. baccatum* (7,30% a 7,56%). Essas diferenças são, provavelmente, provenientes da dinâmica evolutiva das sequências de DNA repetidas em tandem que fazem parte da constituição da heterocromatina constitutiva, desempenhando um importante papel na evolução cariotípica de *Capsicum*. Nossos resultados corroboram uma considerável variação no conteúdo de heterocromatina constitutiva dentro e entre as espécies de *Capsicum*. As informações obtidas no presente trabalho contribuirão para uma melhor compreensão acerca do acervo de acessos de *Capsicum* presentes no BAGC-UFPI.

Palavras-chave: recursos genéticos; bandeamento cromossômico; diversidade genética.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) pela concessão da bolsa de estudos ao primeiro autor. Ao MCTI/CNPQ/Universal, projeto número 457201/2014-2 pelo suporte financeiro da pesquisa.



DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE DIFERENTES ESPÉCIES DE PIMENTAS *Capsicum* L. PELO AGRUPAMENTO DE TOCHER SEQUENCIAL

Breno Machado de Almeida^{1*}; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹; Lívia do Vale Martins¹; Verônica Brito da Silva¹; Lidiane de Lima Feitoza¹

¹Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor apresentador: brenomachado47@gmail.com

O conhecimento acerca da sua diversidade genética de *Capsicum* L. é essencial para a exploração dos programas de melhoramento genético e para a conservação dos recursos genéticos do gênero. A utilização da distância genética com base em características morfológicas, representa uma ferramenta auxiliar, uma vez que é utilizada na caracterização, conservação e utilização dos materiais genéticos. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo estimar a diversidade genética de acessos de diferentes espécies de *Capsicum* L. presentes no Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI) pelo método Tocher sequencial. Foram caracterizados 21 acessos de *Capsicum* por meio de 13 descritores qualitativos multicategóricos. O experimento foi conduzido em telado, no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Piauí, no período de maio de 2019 a janeiro de 2020. O delineamento experimental adotado foi inteiramente ao acaso, com quatro repetições, sendo uma planta por parcela. Pelo método de otimização de Tocher sequencial foi possível reunir os acessos em quatro grupos de acordo com os descritores qualitativos multicategóricos. O grupo G1 foi composto por exemplares da espécie de *C. annuum* e *C. baccatum*. As pimentas vulgarmente denominadas de dedo-de-moça (*C. baccatum*) podem ser empregadas na produção de molhos e geleias. O grupo G2 foi constituído por acessos da espécie *C. chinense*. Os frutos das pimentas-de-cheiro são comercializados majoritariamente na forma *in natura*, sendo apreciadas como tempero no preparo de arroz, saladas e peixes. O grupo G3 foi constituído por genótipos pertencentes à espécie *C. annuum* (BAGC 131) e *C. chinense* (BAGC 160 e 251). O grupo G4 incluiu apenas o acesso BAGC 117, único representante da espécie *C. frutescens*, conhecido popularmente como malagueta preta. O grupo das malaguetas é um dos mais conhecidos e consumidos no Brasil, sobretudo na Zona da Mata Mineira, a qual são consumidas *in natura* ou utilizadas em confecção de conservas e molhos. Os resultados obtidos demonstram a grande diversidade genética presente em pimentas domesticadas e o método Tocher sequencial é eficiente para diferenciação das espécies de *Capsicum*. Essas informações são importantes para futuros estudos com enfoque no melhoramento genético e conservação de pimentas *Capsicum*.

Palavras-chave: Recursos genéticos, Banco Ativo de Germoplasma, descritores morfológicos.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) pela concessão da bolsa de estudos ao primeiro autor.



ACLIATIZAÇÃO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DO ABACAXIZEIRO ORNAMENTAL

Maria do Rosário Andrade de Almeida¹; Antônio Leandro da Silva Conceição¹; Maria de Fátima de Andrade Souza¹; Everton Hilo de Souza²; Fernanda Vidigal Duarte Souza²;

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*mariaalmeida002@hotmail.com

Um amplo trabalho de caracterização realizado no BAG Abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura possibilitou o cruzamento e desenvolvimento de vários híbridos com potencial ornamental. Para a validação agrônômica dos híbridos é necessário um número elevado de plantas. A micropropagação é uma alternativa viável e vantajosa para produção em larga escala de material propagativo de abacaxizeiro e por isso, é uma das técnicas que têm sido usadas para a produção de mudas. Ajustes em seus protocolos são fundamentais para otimizar uma das etapas consideradas limitantes, que é a aclimatização, considerada longa e onerosa. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a aclimatização de plantas do híbrido ornamental ORN-MUT oriundas de diferentes tratamentos de micropropagação, a seguir: T01 = micropropagação convencional/ plantas do 4º Subcultivo; T02 = micropropagação convencional/ plantas do 8º subcultivo; T03 = micropropagação por estiolamento *in vitro* por 60 dias e T04 = micropropagação por estiolamento por 120 dias. As plantas foram aclimatizadas em substrato comercial Vivato®. Aos 60 dias foram mensuradas as seguintes variáveis: altura da planta (cm), largura da copa (cm) e números de folhas. Os tratamentos foram submetidos a análise de variância e as médias comparadas pelo teste Tukey a 5% de probabilidade por meio do programa estatístico R. Os resultados evidenciaram diferenças significativas para todas as variáveis analisadas. Para a altura das plantas, os melhores resultados foram observados no T03 ($15,74 \pm 3,01$ a) e T02 ($14,78 \pm 3,10$ a) seguido de T04 ($10,78 \pm 1,90$ b) e T01 ($10,14 \pm 1,95$ b). O tratamento que proporcionou a maior largura de copa foi T03 ($15,21 \pm 4,17$ a) enquanto os menores valores foram registrados em T01 ($13,48 \pm 2,78$ b), T04 ($12,25 \pm 1,99$ b) e T02 ($12,18 \pm 3,15$ b). O número de folhas, foi superior em T03 ($12,14 \pm 1,60$ a) e T04 ($12,13 \pm 1,87$ a) em comparação com o T01 ($10,93 \pm 1,65$ b) e T2 ($10,73 \pm 1,61$ b). Essa variável é relevante para o tempo de aclimatização, visto que, quanto maior o número de folhas, maior será a área fotossintetizante, o que pode reduzir o tempo necessário para o completo desenvolvimento das plantas *ex vitro* se o processo for bem conduzido. O tratamento T03 foi o que apresentou os melhores resultados para as três variáveis, deixando evidente um benefício do processo de estiolamento *in vitro* para melhorar o desempenho das plantas de abacaxizeiros micropropagados na etapa de aclimatização.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Palavras-chave: *Ananas bracteatus*; micropropagação; caracterização.



GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE PASSIFLORACEA DO LITORAL DO PIAUÍ

Renato Oliveira de Sousa¹; Francisco Jefferson Alves de Lima¹; Cynthia Maria Gomes da Silva¹; Maura Rejane de Araújo Mendes²; Aurinete Daienn Borges do Val^{3*}

¹Discente-Bacharelado em Agronomia-UESPI, *Campus* Parnaíba; ¹Bolsistas PIBIC/UESPI; ²Docente-Licenciatura em Ciências Biológicas-UESPI, *Campus* Parnaíba; ³Docente- Bacharelado em Agronomia-UESPI, *Campus* Parnaíba. *E - mail da autora apresentadora: aurineteval@phb.uespi.br

A variabilidade genética das Passifloraceae presentes no Brasil coloca o país em uma posição estratégica em relação aos recursos dessa família e do gênero *Passiflora*. Após estudos de descrição, identificação e fenologia realizados com espécimes de maracujás encontrados em pontos do litoral do Piauí, identificou-se duas espécies com ocorrência nesse trecho da costa brasileira. A primeira espécie identificada foi a *Passiflora subrotunda* Mast. cujo nome popular é maracujá-de-praia. É encontrada no litoral brasileiro, é endêmica da mata atlântica e caatinga, e em condições locais está associada principalmente à carnaubeiras. O segundo material identificado pertence à espécie *Passiflora floetida* L., que possui ampla distribuição no continente e encontra-se difundida em todo o país, onde é conhecida como maracujá-fedorento. Nas condições locais, encontra-se associada à diversas espécies arbustivas, em locais distantes da faixa litorânea, ou sobre cercas da área urbana. O objetivo desse trabalho foi avaliar a germinação dessas *Passiflora* spp. através da porcentagem de germinação (%), índice de velocidade emergência (IVE) e início da germinação, em dias após semeadura (DAS). O período de avaliação foi de 28 dias. Para o estudo, foram coletados, no período de abril/2019, quatro frutos maduros de cada espécie, cujas plantas pertenciam à populações nativas. Após coleta, os frutos foram despolpados e em seguida, sob água corrente, foi feita a retirada da mucilagem com o auxílio de uma peneira de cozinha. Em seguida, as sementes foram colocadas para secar sobre papel toalha em local arejado e sombreado por 15 dias. A semeadura foi em bandejas de isopor com 200 células, divididas em 4 repetições de 50 células, que foram preenchidas com substrato organomineral. Foi colocada uma semente/célula a uma profundidade de 0,5 cm. As bandejas permaneceram em telado coberto com sombrite de 50% de sombreamento. A porcentagem de germinação da *P. subrotunda* Mast. foi de 47,86%, IVG de 6,23 e teve início no 13º dia após a semeadura, com concentração no período entre o 10º e o 14º DAS. As sementes da *P. floetida* L. germinaram a partir do 21º DAS, apresentaram porcentagem de germinação igual a 53,5% e IVG de 1,93, com germinação concentrada entre o 21º e 28º dias após a semeadura.

Palavras-chave: *Passiflora subrotunda* Mast; *Passiflora floetida* L.

Agradecimentos: À UESPI - Universidade Estadual do Piauí, pela concessão de bolsa de iniciação científica no programa PIBIC- UESPI.



GERMINAÇÃO E CRESCIMENTO DE PLÂNTULAS DE ERVA BALEEIRA

Francisco Jefferson Alves de Lima¹; Renato Oliveira de Sousa¹; Allysson Vitor da Silva Macêdo¹, Maura Rejane de Araújo Mendes²; Aurinete Daienn Borges do Val^{3*}

¹Discente-Bacharelado em Agronomia-UESPI, *Campus* Parnaíba; ¹Bolsistas PIBIC/UESPI; ²Docente-Licenciatura em Ciências Biológicas-UESPI, *Campus* Parnaíba; ³Docente- Bacharelado em Agronomia-UESPI, *Campus* Parnaíba. *E - mail da autora apresentadora: aurineteval@phb.uespi.br

A erva-baleeira (*Varronia curassavica* Jacq.) (sinônimos *Cordia verbenacea* DC e *Cordia curassavica* (Jacq.) Roem e Schult) é nativa da Mata Atlântica e encontra-se espalhada em quase todo o Brasil. Também é conhecida popularmente como córdia, catinga-de barão, erva-preta, maria-milagrosa, maria-rezadeira e salicinia. Suas folhas possuem propriedades medicinais com ações anti úlcera, anti-inflamatória e cicatrizante. No município de Parnaíba, Piauí, está localizada uma área de cultivo orgânico irrigado de erva-baleeira de cerca de 30 ha. O plantio está em produção há aproximadamente 3 anos e o principal objetivo da exploração é a extração de óleo essencial. Deste plantio, foram obtidos frutos maduros de seis matrizes de erva baleeira cultivadas em diferentes talhões sob sistema de pivô central. O objetivo do trabalho foi verificar a porcentagem de germinação, dias para início da germinação (em dias após a semeadura-DAS) e tamanho da plântula 30 dias após de emergência (DAE). Para a obtenção das sementes realizou-se o despulpamento dos frutos com uma peneira e água corrente com o intuito de retirar o máximo de mesocarpo, de modo a não ocasionar danos às sementes. Após isso, procedeu-se à fase de secagem que foi realizada durante 72 horas com as sementes sobre papel toalha em local arejado e sombreado. Após a secagem, procedeu-se a semeadura em bandejas de isopor de 200 células que foram preenchidas com substrato formado pela mistura de composto orgânico da marca Polén® e areia, na proporção de 2:1. Ao todo, foram semeadas 288 sementes, organizadas em seis repetições. Após semeadura, as sementes permaneceram sob telado com 50% de sombreamento. O estudo foi instalado em Setembro/2019, na UESPI, *Campus* Parnaíba, município do norte do Piauí, de coordenadas 3°41' de latitude sul e 41°46' de longitude oeste. Constatou-se a irregularidade na germinação, que se estendeu do 10° até o 60° dia após a semeadura (DAS). Em média, o início da germinação ocorreu no 16° dia após a semeadura e a porcentagem de germinação foi de 59%. Aos 30 DAE fez-se a medição da parte aérea e raiz das plântulas emergidas no período e verificou-se que, em média, possuíam 5,34 e 5,48 cm de altura e comprimento de raiz principal, respectivamente.

Palavras-chave: *Varronia curassavica* Jacq; cordia; α -humuleno

Agradecimentos: À UESPI - Universidade Estadual do Piauí pela concessão de bolsa de iniciação científica no programa PIBIC- UESPI e à Agroindústria Centroflora, pela doação de sementes.



CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE ANÃO NA REGIÃO SUL DO RIO GRANDE DO SUL

Lucas Severo Gonçalves^{1*}; Lucas Costa Ferreira¹; Luis Guilherme Ramos Tavares¹; Josiane Duarte de Carvalho¹; Fernanda Bortolini¹; Andréa Mittelman¹

¹ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa Agropecuária de Clima Temperado, Estação Experimental de Terras Baixas, Pelotas, RS, Brasil.

* lucassevero315@gmail.com

A bovinocultura de corte e leite no Brasil é desenvolvida na sua maior parte no sistema a pasto. Dentre as forrageiras perenes, destaca-se o capim-elefante anão (*Pennisetum purpureum* S.). Do ponto de vista agrônomo, são desejáveis genótipos que tenham menores danos pela seca, alto perfilhamento axilar e basilar, média de altura elevada e um grande número de afilhos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar, usando um conjunto de dezessete descritores, oito novos genótipos de capim-elefante anão na região Sul do Rio Grande do Sul, Brasil. A metodologia utilizada compreendeu características que fazem parte de um conjunto de descritores recomendados pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, sendo escolhidas três plantas de cada linha de cultivo aleatoriamente e mensuradas características morfológicas e produtivas. Os resultados mostraram diferenças para largura da folha; cor da bainha, posição e coloração da lâmina foliar, pilosidade da face adaxial da lâmina, hábito de crescimento; intensidade do perfilhamento basilar e intensidade do perfilhamento axilar. O percentual da área foliar danificado pela seca foi estimado em até 4%. A altura média de planta variou de 70 a 111,67 cm e o número de afilhos de 18,67 a 36,33 cm. O comprimento de folha variou de 54,33 a 75,00 cm. Os genótipos de capim-elefante em estudo podem ser diferenciados entre si pelo conjunto de descritores utilizados. Existem diferenças em características de interesse agrônomo, indicando potencial para a seleção de novas cultivares.

Palavras-chave: Melhoramento genético; *Pennisetum purpureum* S.; clones;

Agradecimentos: Gostaria de agradecer à Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS), pela concessão da bolsa de iniciação científica.



CULTIVARES DE GLADIÓLO- *Gladiolus X grandiflorus* Hort. (Iridaceae) APRESENTAM DIFERENÇAS PALINOLÓGICAS?

Ana Caroline Krug¹; Anna Beatriz Reis de Oliveira¹; John Francis Cordeiro Pacheco¹; Patrícia Maria O. Pierre^{1*}

¹UFSC. *anacarolinekrug@gmail.com

O gladiólo (*Gladiolus X grandiflorus* Hort.) possui importância econômica como flor de corte, sendo uma das cultivares mais relevantes no mercado botânico. As cultivares do gênero *Gladiolus* L. nas cores vermelha, branca, amarela e *pink*, oriundas do melhoramento genético, tiveram sua morfologia polínica analisada no presente estudo. A morfologia polínica é oriunda da expressão do genoma e diversos estudos têm demonstrado sua eficiência para a caracterização de diversos táxons. Assim, foi realizada a palinologia de diferentes cultivares de *Gladiolus X grandiflorus* Hort. no laboratório de Biologia Celular da UFSC, Campus de Curitibanos. Grãos de pólen oriundos de anteras das cultivares mencionadas anteriormente, foram previamente fixados e submetidos por 24 horas ao tratamento com ácido acético P.A. Os mesmos foram acetolisados de acordo com o protocolo descrito por ERDTMAN (1960). As lâminas foram montadas em gelatina glicerínada. Os eixos polar (P) e equatorial (E) foram medidos a partir de 50 grãos de pólen maduros. Valores médios de P/E foram calculados para cada cultivar. As terminologias e as classificações do tamanho, do formato, do âmbito, da ornamentação da superfície polínica na visão equatorial e do número de aberturas foram adotadas de acordo com as definições de Erdtman (1952), Willard et al. (2004) e de Punt et al. (2007). As imagens dos grãos de pólen foram digitalizadas em microscópio de luz de epifluorescência BX-60 acoplado com câmera digital Olympus DP73. As medições foram realizadas por meio do software CellSens. Como resultado, obteve-se dados inéditos sobre as características dos grãos de pólen das diferentes cultivares de *Gladiolus X grandiflorus* Hort. A Cultivar Red Beauty (cor vermelha) apresentou grãos de pólen médios, com âmbito circular, prolato e P/E: 1,56 μm . A cultivar White Goddess (cor branca) apresentou grãos de pólen médios, com âmbito circular, prolato e P/E: 1,41 μm . A cultivar Fidelio (cor *pink*) apresentou grãos de pólen grandes, com âmbito circular, subprolato e P/E: 1,16 μm . A cultivar Jester (cor amarela) apresentou grãos de pólen médios, com âmbito circular, prolato e P/E: 1,48 μm . Grãos de pólen de todas as cultivares apresentaram exina com aspecto verrucado. Assim, foi possível concluir que as cultivares possuem grãos de pólen muito similares, com exceção da cultivar Fidelio, cujos grãos de pólen apresentaram-se subprolatos e tamanho grande.

Palavras-chave: pólen; espécies ornamentais; palma-de-Santa Rita.

Agradecimentos: à Universidade Federal de Santa Catarina por fomentar essa pesquisa.



TRANSFERIBILIDADE DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DE *Eugenia uniflora* L. PARA OUTRAS ESPÉCIES DA FAMÍLIA MYRTACEAE

Dalvan Carlos Beise^{1*}; Luana Oliveira de Oliveira ²; Daniele Damian dos Santos³; Valdir Marcos Stefenon⁴

^{1,2,3} Núcleo de Ecologia Molecular e Micropropagação de Plantas, Universidade Federal do Pampa. ⁴Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail: dalvanbio@gmail.com

A família Myrtaceae abriga espécies com importância econômica, cultural e principalmente ecológica, no entanto muitas estão inseridas em áreas em constante degradação ambiental, como é facilmente observado na Mata Atlântica e Pampa. Desta forma, tornando-se necessário o desenvolvimento de estudos que visem investigar o estado de conservação dos recursos genéticos ou ainda descobrir características de interesse, uma vez que esta família abriga diversas espécies fruteiras ainda pouco exploradas pelo meio científico. Com o advento de ferramentas da biotecnologia, é possível a realização de estudos genéticos, com o uso de marcadores moleculares, como os microssatélites (SSRs) os quais apresentam a possibilidade de amplificação em espécies aparentadas, utilizando os mesmos pares de iniciadores. Este trabalho avaliou a possibilidade de transferência de 11 marcadores microssatélites desenvolvidos para a espécie *Eugenia uniflora* L., para outras 14 espécies nativas dessa família. A extração do DNA total foi realizada pelo método CTAB, enquanto os produtos de amplificação da PCR foram visualizados em gel de agarose 3% e a determinação do tamanho dos alelos com a utilização do software TotalLAB. A partir das análises foi possível confirmar a eficiência da transferibilidade, obtendo uma taxa de transferência significativa nos diversos gêneros testados: 63,63% em *Eugenia involucrata* DC e *Psidium cattleianum* Sabine, 54,54% em *Eugenia pyriformis* Cambess e *Eugenia rostrifolia* D. Legrand, 45,45% em *Plinia peruviana* (Poir.) Govarts, 36,36% em *Eugenia uruguayensis* Cambess e *Eugenia ramboi* D. Legrand, 27,27% em *Campomanesia guazumifolia* (Cambess.) O. Berg e *Acca sellowiana* (O. Berg) Burret, e 18,18% em *Campomanesia xanthocarpa* Mart. ex O. Berg e *Psidium guajava* L. Entretanto, as espécies *Eugenia verticillata* (Vell.) Angely, *Myrcianthes pungens* (O. Berg) D. Legrand e *Plinia rivularis* (Cambess.) Rotman não amplificaram para nenhum loci testados. A partir disso, é possível confirmar a possibilidade de transferência de marcadores microssatélites, e indicar a aplicação desses marcadores para espécies geneticamente aparentadas, a fim de possibilitar a realização de estudos que visam conhecer o estado de conservação e estrutura genética destas espécies através de estudos genético-populacionais. Esses estudos promoverão a conservação e uso sustentável desses recursos genéticos.

Palavras-chave: Biotecnologia; marcadores microssatélites; transferibilidade

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE BANANEIRA DA EPAGRI EM RELAÇÃO A ACESSOS DO INTERNATIONAL TRANSIT CENTRE (ITC)

Gustavo Henrique Ferrero Klabunde¹; Ramon Felipe Scherer¹

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI, Estação Experimental de Itajaí. *E-mail: gustavoklabunde@epagri.sc.gov.br

A diversidade dos recursos genéticos disponíveis é a base de todo o programa de melhoramento genético, principalmente em um programa de melhoramento de bananeira, onde a geração de variabilidade genética por meio de hibridações é uma tarefa extremamente desafiadora e complexa. O objetivo deste trabalho foi o de compreender o nível de diversidade dos recursos genéticos triplóides mais utilizados do programa de melhoramento de bananeira da EPAGRI em relação a uma das principais coleções nucleares triplóides de germoplasma de banana do mundo. Foram genotipados 24 materiais do programa de melhoramento genético de bananeira da EPAGRI, com o uso de 8 marcadores microssatélites, sendo: mMaCIR03; mMaCIR07; mMaCIR08; mMaCIR196; mMaCIR214; mMaCIR260; mMaCIR307; Ma_3_90. Os dados foram comparados com os resultados da genotipagem, com uso dos mesmos marcadores SSR e plataforma de eletroforese capilar, de 38 materiais de uma coleção nuclear do International Transit Centre (ITC – Leuven, Bélgica). Na soma de todos os materiais foram detectados um total de 62 alelos, com média de 7,75 alelos/locus (mínimo 4 - mMaCIR214 e máximo 13 alelos/locus - Ma_3_90). Dos materiais do programa de melhoramento genético da EPAGRI, foram amplificados um total de 39 alelos (62,90% da diversidade alélica total). Foram detectados apenas 3 alelos exclusivos (alelo 129pb – mMaCIR03 e alelos 219pb e 227pb – mMaCIR260) do programa de melhoramento da EPAGRI em relação a coleção nuclear do ITC, que apresentou 59 alelos dos 62 totais. Em contrapartida, 22 alelos (35,48% da diversidade alélica total) foram exclusivos dos materiais da coleção nuclear do ITC. Entre os materiais EPAGRI que apresentaram alelos exclusivos está o cultivar lançado em 2016, BRS SCS Belluna (AAA). Este material é oriundo de uma expedição de coleta de germoplasma realizada pela EMBRAPA no sudeste asiático durante a década de 1980, com o objetivo justamente de ampliar a base genética do germoplasma de banana no Brasil. Conclui-se pela necessidade da ampliação da base genética dos materiais utilizados usualmente no programa de melhoramento da EPAGRI através da hibridação dos genótipos com diploides melhorados e da utilização de outras técnicas geradoras de variabilidade, como mutações induzidas por radiação gama e variações somaclonais.

Palavras-chave: Filogenia; Marcadores SSR; Musa spp.

Agradecimentos: FAPESC – Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina.



VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CITROS UTILIZANDO DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS

Luiz Paulo Campos Patrício¹; Cristina de Fátima Machado²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²EMBRAPA Mandioca e Fruticultura.

*lpaulocp@hotmail.com, Cristina.fatima-machado@embrapa.br

Nos bancos germoplasma, a precisa identificação e avaliação dos acessos presentes é de fundamental importância, podendo ser realizada com a utilização de um conjunto de descritores morfológico-agronômicos que servem como guia e permitem a distinção entre diferentes acessos de uma mesma cultura. Objetivou-se caracterizar uma amostra de acessos conservada no BAG de Citros da Embrapa – CNPMF, com base em descritores quantitativos e qualitativos, e selecionar os genótipos superiores para qualidade de frutos. Foram utilizados 92 acessos provenientes do BAG Citros, dos quais, dez espécies e seis híbridos. O estudo foi realizado no período de agosto de 2019 a julho de 2020, sendo mensuradas 17 variáveis em relação ao fruto. Cinco análises químicas composta de seis frutos cada, foram realizadas. Além de descritores morfológicos de folha, flor e vigor da planta. Os dados obtidos foram analisados por meio de estatística descritiva e dispersão; e a comparação de médias foi feita pelo teste Scott-Knott à 5%, além da utilização do dendrograma de Mandala realizado pelo algoritmo UPGMA, com índice de similaridade de Gower, pelo programa R. Observou-se variabilidade em todas as variáveis estudadas, contudo, as características que obtiveram os maiores valores de desvio-padrão entre os acessos analisados foram peso do fruto (290,31 g) e Peso do suco (57,10 g). Verificou-se que o acesso Tangerina ‘Clementina de Nules’, apresentou menor Espessura da casca (1,48 mm), já Cidra ‘Gigante’, o maior (14,99 mm). Em relação ao Rendimento do suco, o maior valor (61,75 %) foi observado para a Laranja ‘Bahia 78’, e o menor (4,88 %) para a Toranja ‘Vermelha’. A maioria dos acessos apresentou Coloração da polpa (alaranjada), seguido de amarela. Em relação à Forma do fruto, observou-se que a maioria dos acessos avaliados é esferoide, seguido de obloide e elipsoide. No que se refere à relação Sólido solúvel, se aferiu no acesso Cidra ‘Etrog’ o menor valor (5,24 ° Brix) e na Laranja ‘Seleta Branca’ o maior (12,05 ° Brix); quanto ao pH, os valores variaram de 2,44 (Limão ‘Frost Eureka’) à 5,73 (Laranja ‘Lima’). Em relação ao Índice Tecnológico, o coeficiente de variação foi de 34,26 %, sendo o acesso Laranja Lima ‘Piralima’, que apresentou o maior valor (2,71kg SS / cx). O grupo das Toranjas apresentaram maior divergência em relação aos demais acessos. Os acessos avaliados diferiram com relação a todos os caracteres avaliados, indicando a presença de variabilidade genética e, consequentemente, a possibilidade de obtenção de ganho genético com a seleção de genótipos superiores.

Palavras-chave: pré-melhoramento; seleção; uso

Agradecimentos: a FABESP e a EMBRAPA Mandioca e Fruticultura pelo apoio ao trabalho.



DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE *Passiflora cincinnata* Mast (PASSIFLORACEAE) COM BASE EM MARCADORES ISSR

Thalana Souza Santos Silva^{1*}; Rafaela Almeida Soares²; Anderson Carvalho Vieira³; Fábio Gelape Faleiro⁴; Onildo Nunes de Jesus⁵; Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva^{1,3,6}

¹Programa Multicêntrico em Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). *Thalana-souza@hotmail.com. ²Curso de Ciências Biológicas, UESB. ³Programa de Ciências Ambientais, UESB. ⁴Embrapa Cerrados. ⁵Embrapa Mandioca e Fruticultura. ⁶Departamento de Ciências Exatas e Naturais, UESB.

É crescente o interesse relativo aos maracujazeiros silvestres, sobretudo na realização de ações de prospecção, caracterização e uso dos recursos genéticos, tendo em vista a possibilidade de se identificar variabilidade útil para potencializar ganhos de resistência a fatores de estresse bióticos e abióticos em programas de melhoramento dos maracujazeiros. Neste contexto, *Passiflora cincinnata* Mast destaca-se como espécie silvestre amplamente distribuída no Brasil, produtora de frutos comestíveis com potencial econômico e uso em programas de melhoramento. O objetivo do trabalho foi caracterizar a diversidade genética em acessos de *P. cincinnata* com base em marcadores moleculares ISSR - *Inter Simple Sequence Repeats*. O estudo foi conduzido com amostras de DNA de 29 acessos de *P. cincinnata* provenientes dos Bancos Ativos de Germoplasma da Embrapa Cerrados e da Embrapa Mandioca e Fruticultura. O número de plantas variou de 1 a 3 por acesso, totalizando 55 plantas. Para estimativas genéticas foram realizadas análise do perfil de amplificação de 12 *primers* ISSR (DiGA3`T, DiCA3`G, DiCA3`RG, DiCA3`YG, TriCAC3`YC, TriCAC5`CY, TriGTG3`YC, TriACG3`RC, TriCGA3`RC, TriGAC3`RC, TriGCA3`RC e TriGCC3`RC). Alíquotas dos produtos de amplificação foram avaliados em gel de agarose a 2% (m/v), e visualizadas em sistema de fotodocumentação L-PIX EX. Análises descritivas, estimativas de Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) e de heterozigosidade esperada (He) foram realizadas a partir do uso do programa GENES. No total foram observados 102 marcadores, dos quais 100 foram polimórficos (média de 8,5 marcadores por *primer*). Os *primers* DiCA3`YG e TriGAC3`RC produziram o maior (13) e o menor (três) número de marcadores, respectivamente. Os valores de PIC variaram de 0,27 a 0,35 (média de 0,31), indicando que os *primers* utilizados são moderadamente informativos e eficientes para estimar o polimorfismo. Os valores de He variaram de 0,34 a 0,45 (média de 0,40). Os *primers* ISSR foram eficientes para identificar polimorfismo molecular e demonstraram alta variabilidade genética entre os acessos de *P. cincinnata*.

Palavras-chave: Variabilidade; Maracujá; Marcadores moleculares.

Agradecimentos: À Fapesb pela concessão das bolsas de estudo e apoio financeiro relativo a estrutura do laboratório (PIE0014/2016 e DTE0001/2016).



DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATIVAS DE *Croton tetradenius* Baill., USANDO MARCADORES SNP

Fabiany de Andrade Brito^{1*}; Maria Imaculada Zucchi²; José Baldin Pinheiro²; Carolina Grando²; Alessandro Alves Pereira³; Arie Fitzgerald Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. ²Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz.

³Universidade Estadual de Campinas. *fab_i_andradebr@hotmail.com

Croton tetradenius é uma espécie aromática e bioativa que possui óleos essenciais com ação inseticida e fungicida para agricultura. Sua implantação em Bancos Ativos de Germoplasma é essencial para conservação e uso futuro, sendo necessário observar sua variabilidade genética. O objetivo deste estudo foi estimar a diversidade e estrutura genômica de populações nativas de *C. tetradenius* do estado de Sergipe, para introdução de amostras no Banco Ativo de Germoplasma de Plantas Medicinais e Aromáticas da Universidade Federal de Sergipe, utilizando marcadores moleculares de polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNP). Foram coletadas 38 plantas em 4 municípios de Sergipe: Porto da Folha, Poço Redondo, Pacatuba e Lagarto. O sequenciamento de bibliotecas genômicas da genotipagem por sequenciamento (GBS) de *C. tetradenius* resultou na identificação de 1387 SNPs de alta qualidade. A diversidade genética média foi baixa ($H_o < H_e = 0,086$; $I = 0,143$; $f = 0,099$). A análise de variância molecular (AMOVA) revelou uma maior variação genética dentro das localidades (95%), menor entre as localidades (5%) e a diferenciação genética entre as localidades foi baixa ($F_{ST} = 0,041-0,062$), devido ao fluxo gênico histórico ou atual. Na análise discriminante de componentes principais (DAPC) houve maior sobreposição das plantas de Lagarto e Poço Redondo, indicando que a fragmentação recente do habitat pode isolar as populações. Observou-se uma deficiência de heterozigotos ocasionada por cruzamentos não aleatórios. A ocorrência *locos* em homozigose no genoma foi devido ao cruzamento não preferencial entre os indivíduos aparentados. Os baixos níveis de diversidade genética geralmente são relacionados ao sistema reprodutivo e à endogamia intrapopulacional devido ao reduzido número de indivíduos. A baixa diversidade genética e a baixa estruturação da variabilidade genética entre populações de *C. tetradenius* forneceram uma base importante para as estratégias de conservação dessa espécie. Com base nestes resultados, serão necessárias coletas adicionais de um grande número de indivíduos nas quatro populações avaliadas e em outras regiões de ocorrência, para ampliar a base genética da coleção, requisito importante tanto para conservação, quanto para uso em futuros programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: conservação; diversidade e estrutura genética; plantas aromáticas.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FINEP, FAPITEC/SE, UFS, ESALq/USP, UNICAMP.



INFLUÊNCIA DE MÉTODOS DE EXTRAÇÃO NO TEOR E COMPOSIÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE ACESSOS DE *Lippia alba* (MILL) N. E. BROWN.

Caroline Alves Soares¹; Jéssika Andreza Oliveira Pinto¹; Andréa Santos da Costa¹; Daniela Aparecida de Castro Nizio¹; Itamara Bomfim Gois¹; Maria de Fátima Arrigoni-Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *E-mail: carolalves.10093@gmail.com

Os óleos essenciais da *Lippia alba* apresentam ampla variabilidade química que pode ser decorrente de fatores ambientais, genéticos e, além disso, o método de extração pode influenciar na composição química destes. O objetivo do trabalho foi avaliar a influência dos métodos de extração micro-ondas e hidrodestilação no teor e composição química dos óleos essenciais de três quimiotipos de *Lippia alba*. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 3x2, sendo três quimiotipos (LA-19, LA-27 e LA-30) e dois métodos de extração de óleos essenciais (hidrodestilação - HD e micro-ondas - MI), com três repetições. Os três quimiotipos, são acessos da coleção da espécie que integra o Banco Ativo de Germoplasma de Plantas Medicinais e Aromáticas da Universidade Federal de Sergipe. O acesso LA-19 é caracterizado como quimiotipo neral, geranial e óxido de cariofileno; o acesso LA-27 como quimiotipo linalol, 1,8 cineol e óxido de cariofileno; e o acesso LA-30 como quimiotipo geranial, neral, o-cimeno, limoneno e óxido de cariofileno. As condições de extração dos óleos essenciais foram 120 minutos com volume de 1,5 L de água destilada, para HD; e 500 W por 25 minutos, com adição de 50 mL de água destilada, para MI. Em ambos os métodos foram utilizadas amostras de 15 g de folhas submetidas a secagem durante 5 dias a 40°C. Os óleos essenciais obtidos foram analisados por meio de Cromatografia Gasosa acoplada ao Espectrômetro de Massas (GC/MS). A interação entre quimiotipos e métodos de extração foi significativa para teor e composição química dos óleos essenciais de *Lippia alba*. Os teores dos compostos observados (concentração relativa pelo método HD/MI) para os quimiotipos LA-19 e LA-30 foram neral (29,97/28,08% e 25,00/26,56%, respectivamente) e geranial (47,11/54,95% e 39,98/53,15%, respectivamente); e para o quimiotipo LA-27 foram neral (20,31/23,64%), carvona (20,98/18,49%) e geranial (11,39/16,49%). Para o quimiotipo LA-19, o composto Z- β -ocimeno foi identificado exclusivamente com a utilização do método HD, enquanto o composto E- β -ocimeno com a utilização do método MI. Para os quimiotipos LA-27 e LA-30, os compostos mirceno e Z- β -ocimeno foram identificados apenas nos óleos essenciais extraídos pelo método HD. O método de extração HD proporcionou maior teor de óleo essencial para os quimiotipos estudados, e, os quimiotipos LA-27 (3,07%) e LA-30 (3,53%) apresentaram os maiores teores médios.

Palavras-chave: Erva-cidreira; hidrodestilação; micro-ondas.

Agradecimentos: UFS, CNPq, Finep



CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE ACESSOS DE ALECRIM-DE-VAQUEIRO

Jéssika Andreza Oliveira Pinto¹; Itamara Bomfim Gois¹; Caroline Alves Soares¹;
Luís Fernando de Andrade Nascimento^{1*}; Arie Fitzgerald Blank¹;
Maria de Fátima Arrigoni-Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *jessika-andreza@hotmail.com

Eplingiella fruticosa, comumente conhecida por alecrim-de-vaqueiro, é uma planta aromática que possui potencial farmacológico, devido as propriedades medicinais associadas aos seus metabólitos secundários. Trabalhos que visam a caracterização e a conservação de plantas medicinais e aromáticas vêm crescendo expressivamente devido à importância medicinal e econômica dessas espécies. A caracterização morfológica, agrônômica e genética de acessos de um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) é de suma importância por fornecer informações que auxiliam no delineamento de estratégias para conservação e uso das espécies. Esse trabalho teve como objetivo caracterizar morfoagronomicamente 23 acessos de *E. fruticosa* da Coleção do BAG de Plantas Medicinais e Aromáticas da Universidade Federal de Sergipe (UFS). Os acessos foram coletados em 10 municípios do estado de Sergipe e a coleção foi implantada no ano de 2016 em delineamento de blocos ao acaso com três repetições e três plantas por parcela. Para a caracterização morfológica foram analisadas as variáveis área foliar e coloração de folhas e flores, e para a caracterização agrônômica as variáveis massas fresca e seca de folhas e teor de óleo essencial. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANAVA), e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$), utilizando o programa SISVAR®. As médias diferiram significativamente para as variáveis área foliar, com valores entre 3,02 a 7,41 mm², e coloração de folhas. As folhas apresentaram diferentes padrões cromáticos da cor verde avaliados pelo sistema de cor RGB (Red - vermelho, Green - verde, e Blue - azul) para ambos os lados (adaxial e abaxial), e as flores apresentaram coloração lilás ou branca. Para os caracteres agrônômicos, observou-se que as massas fresca e seca de folhas não diferiram significativamente entre os acessos, apresentando médias entre 20,35 e 205,34 g.planta⁻¹, e 8,76 e 75,53 g.planta⁻¹, respectivamente. Diferença significativa entre os acessos foi observada para a variável teor de óleo essencial, a qual apresentou valores entre 0,75 a 1,33%. Há variabilidade entre os acessos de *E. fruticosa* da coleção, tornando possível a conservação, seleção e provável melhoramento genético da espécie. No entanto, considerando as variáveis massas fresca e seca, observa-se a necessidade de prospecção de novos genótipos.

Palavras-chave: *Eplingiella fruticosa*; Lamiaceae; planta medicinal.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao CNPq, FAPITEC/SE, CAPES e FINEP pelo apoio financeiro a este trabalho.



CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DA TOLERÂNCIA A DESSECAÇÃO EM SEMENTES DE *Campomanesia retziana* (D.Legrand)

Rosa Angelica Elias.¹; Maycon Morais¹; Daniela Goeten¹; Neusa Steiner¹

¹Laboratório de Fisiologia vegetal, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina. *angelada.elias.silva@gmail.com

Campomanesia retziana (D. Legrand) é uma Myrtaceae endêmica da Mata Atlântica com potencial de uso alimentício e farmacológico. Devido ao desmatamento da Floresta Tropical Atlântica, *C. retziana* encontra-se atualmente em situação vulnerável segundo a lista vermelha de espécies ameaçadas de extinção da IUCN. Além da vulnerabilidade atual desta espécie, as plantas do gênero *Campomanesia* são conhecidas por apresentarem sementes sensíveis à dessecação, o que dificulta o armazenamento a longo prazo em bancos de germoplasma convencionais. O comportamento fisiológico das sementes de *C. retziana* durante a dessecação e o armazenamento ainda não é conhecido. Neste sentido, frutos maduros de *C. retziana* foram coletados na região do Alto Vale do Itajaí-SC e foram avaliados o conteúdo de água (CA) e a viabilidade das sementes dessecadas por 1, 4, 5, 7 e 24 horas utilizando sílica gel a 27°C. Para isso, foram conduzidos testes de germinação, tetrazólio, condutividade elétrica e análise histológica das sementes frescas e dessecadas. O CA variou de 0,72 para sementes frescas seguido por 0,42; 0,16; 0,11 e 0,04 gH₂O.g ps⁻¹ conforme o tempo de dessecação. Foi observado que as sementes de *C. retziana* se mantêm viáveis em todos os CA avaliados, apresentando germinação acima de 90% em todos os tratamentos. No entanto, a condutividade elétrica passou de 130,77 uS cm⁻¹ g⁻¹ para 164,78 uS cm⁻¹ g⁻¹ nas primeiras horas de dessecação e se manteve estável até as 24 horas, onde foi observado um aumento para 222,61 uS cm⁻¹ g⁻¹. Análises histológicas indicaram que o embrião é composto de hipocótilo desenvolvido e cotilédones rudimentares. Por meio da reação de Coomassie Brilliant Blue (CBB), foram observados vacúolos proteicos nas células do hipocótilo e abundância de conteúdo lipídico em todos os tecidos do embrião. Após 24 horas de dessecação, foi observado separação da membrana da parede celular e plasmólise com concentração dos corpos proteicos nas células do hipocótilo. Nossos resultados indicam que as sementes de *C. retziana* toleram um CA semelhante às sementes ortodoxas e diferem do comportamento fisiológico descrito para outras espécies de *Campomanesia*. Estudos de armazenamento e viabilidade estão sendo realizados para gerar subsídios a serem aplicados na conservação *ex situ* da espécie.

Palavras-chave: Myrtaceae; Conservação *ex-situ*; Recalcitrante.

Agradecimentos: CNPq. Capes



ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE *Eugenia uniflora* L. DE DIFERENTES REGIÕES DO RIO GRANDE DO SUL

Dalvan Carlos Beise^{1*}; Luana Oliveira de Oliveira ²; Daniele Damian dos Santos³; Valdir Marcos Stefenon⁴

^{1,2,3} Núcleo de Ecologia Molecular e Micropropagação de Plantas, Universidade Federal do Pampa. ⁴Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail: dalvanbio@gmail.com

O conhecimento sobre a diversidade genética de populações é importante para auxiliar na conservação das espécies, além de fornecer dados para programas de gestão e conservação de recursos genéticos. Nesta perspectiva, este trabalho investigou a distribuição alélica e a estrutura genética da espécie *Eugenia uniflora* L. (pitangueira) de seis populações naturais, totalizando 180 indivíduos de três diferentes regiões do estado do Rio Grande do Sul: Mata Atlântica, Pampa e região de transição, com o emprego de 11 marcadores microssatélites, específicos para a espécie. A extração do DNA genômico foi realizada a partir do método CTAB, e os produtos de amplificação da PCR foram avaliados em gel de agarose 3%. As análises de diversidade genética foram conduzidas no software GenAlex. O conjunto de marcadores utilizados mostraram-se altamente informativos. O número médio de alelos (A) entre as populações variou de 10,182 a 17,091, enquanto o número efetivo de alelos (A_e) por população variou de 6,808 a 11,445 e o índice de fixação F_{is} apresentou uma variação de 0,572 a 0,688. Em relação a heterozigosidade observada (total) para as populações foi significativamente menor do que o esperado $H_o = 0,336$ e $H_E = 0,908$ respectivamente. Através da AMOVA verificou-se que não há diferença significativa (0,004) na variabilidade genética entre as diferentes regiões analisadas (Mata Atlântica, Pampa e Transição), porém do total de variação 5% pode-se apontar entre as populações, 32% da diversidade está dentro dos indivíduos e 63% está entre os indivíduos. Assim, as populações apresentaram um maior número de homozigotos em relação ao Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), o que é também evidenciado pelo índice de Fixação, que correspondeu a $F = 0,629$, demonstrando uma alta taxa de endogamia. A partir dos resultados foi possível verificar que mesmo a partir de diferentes regiões as populações compartilham uma frequência alélica muito similar, não sendo possível apontar uma estruturação diferenciada para cada região amostrada. Contudo, a existência de alelos exclusivos com frequência superior a 10% nas populações aponta para existência de um processo de diferenciação populacional em andamento. Este trabalho demonstra a necessidade de ações de conservação e recuperação dos ambientes amostrados visando recompor as áreas e assim possibilitar um maior fluxo gênico entre as populações, diminuindo os efeitos da endogamia.

Palavras-chave: Diversidade genética; marcador SSR; pitangueira.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



A COLEÇÃO DE MORINGA DA EMBRAPA TABULEIROS COSTEIROS: SITUAÇÃO ATUAL E PERSPECTIVAS

Tássia Fernanda Santos Neri Soares^{1*}; Evandro Neves Muniz²; Ana Veruska Cruz da Silva²

¹Universidade Federal de Sergipe. ²Embrapa Tabuleiros Costeiros.
*tassia_nanda@hotmail.com.

A moringa (*Moringa oleifera* Lam) pertencente à família Moringaceae, é uma espécie perene originária da Índia, da qual existe quatorze espécies. Foi introduzida no Brasil por volta de 1950, e sua distribuição foi inicialmente limitada à ornamentação nos parques públicos. No Brasil é também como acácia branca e tem sido amplamente utilizada na alimentação humana e animal. A Coleção de Moringa da Embrapa Tabuleiros Costeiros foi implantada em 2009, e está localizada no Campo Experimental Jorge Prado Sobral, Município de Nossa Senhora das Dores, SE, (Latitude: 10°29'30"S, Longitude: 37°11'36"W e Altitude de 204 m). Os primeiros acessos foram oriundos de intercâmbio com a Universidade da Flórida e atualmente constam 25 acessos representados por 200 genótipos. Em 2016 foram introduzidos 4 acessos oriundos de Fortaleza - CE, Mossoró - RN, Petrolina- PE, e Aracaju-SE. Em 2020, 3 novos acessos, oriundos de Frei Paulo-SE, Itabaiana-SE e Queimados-PB. Semestralmente tem sido coletadas amostras para avaliação da composição bromatológica e determinação do valor nutricional para alimentação de ruminantes, visando identificar indivíduos com maior potencial em relação ao uso pra animais. As análises bromatológica realizadas em 2019 apresentaram médias de 21,41% de matéria seca, 26,31% de proteína bruta, 6,88% de extrato etéreo e 8,11% de cinzas. Também tem sido realizados estudos de adensamento para produção de forragem com produtividade acima de 28 toneladas de matéria seca/ha/ano. Pretende-se ampliar a quantidade de acessos, através de novas expedições de coleta em áreas ainda não contempladas, bem como por ações de intercâmbio com outras instituições de ensino, pesquisa e extensão.

Palavras-chave: *Moringa oleifera*; germoplasma; nutrição

Agradecimentos: Embrapa Tabuleiros Costeiros.



PRIMEIRA FRUTIFICAÇÃO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE JENIPAPO E A COMERCIALIZAÇÃO DA FRUTA EM ARACAJU

Tássia Fernanda Santos Neri Soares^{1*}; Layanne Oliveira de Jesus Lima¹;
Raquel Fernandes de A. Rodrigues², Evandro Neves Muniz², Ana Veruska Cruz da Silva²

¹Universidade Federal de Sergipe. ²Embrapa Tabuleiros Costeiros.
*tassia_nanda@hotmail.com.

O Banco Ativo de Germoplasma de Jenipapo (BAG Jenipapo) foi instalado em 2009 pela Embrapa Tabuleiros Costeiros, no Campo Experimental Jorge do Prado Sobral, no município de Nossa Senhora das Dores, Sergipe (10°29'30"S, 37°11'36"W, altitude: 204 m). É composto por 26 acessos, que são representados por 237 genótipos. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a primeira frutificação do BAG Jenipapo. Os acessos foram avaliados mensalmente, de junho de 2019 a maio de 2020, quanto ao número de frutos por planta e estágio de maturação dos mesmos. Paralelamente foi realizado o Diagnóstico Rápido Participativo (DRP) através da aplicação de questionários em feiras e mercados públicos de Aracaju - Sergipe, a fim de identificar os variados aspectos da comercialização do jenipapo. Os acessos que frutificaram foram CR2, CA, AR2, AR3, AR4, MA, CV e MS, com a quantidade de frutos variando de 3 a 64 por planta. O fruto demora cerca de um ano para atingir o ponto de colheita, e não foi possível a avaliação devido à pandemia covid-19. Os resultados dos questionários indicaram que os frutos comercializados eram provenientes de Maruim, Boquim e Itaporanga (SE) e de municípios do interior da Bahia, não identificados pelos vendedores. Os principais compradores são as donas de casa, e o preço varia de acordo com a época do ano, sendo a entressafra identificada entre os meses de setembro e outubro. O uso é predominantemente para suco, sendo também citada a elaboração de licor. A coloração foi o principal atributo de qualidade relatado, seguida da cor da polpa e o tamanho do fruto.

Palavras-chave: *Genipa americana* L.; maturação; atributos de qualidade

Agradecimentos: Embrapa Tabuleiros Costeiros.



PRODUÇÃO DE ACESSOS DE PALMA FORRAGEIRA EM CULTIVO DE SEQUEIRO

Isaias Vitorino Batista de Almeida^{1*}; Mateus Costa Batista²; José Thyago Aires Souza³; Leonardo Torreão Villarim de Medeiros¹; João Paulo de Farias Ramos¹

¹Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (EMPAER), Estação Experimental Pendência, Soledade, Paraíba. ²Instituto Nacional do Semiárido. ³Universidade Federal de Campina Grande (UFPB). *isaiasvba@gmail.com

A palma forrageira é a principal planta xerófila cultivada no Semiárido brasileiro, em função de seu potencial de produção e principalmente por ter resistência comprovada à seca, podendo sobreviver e crescer em baixas precipitações. Devido à importância econômica da cultura torna-se necessário a execução de um programa de melhoramento genético, com destaque para avaliação agrônômica de diferentes acessos. Dessa forma, objetivou-se com o presente estudo avaliar a produção e produtividade de acessos de palma forrageira em cultivo de sequeiro. O experimento foi realizado no período de fevereiro de 2019 a fevereiro de 2020 na Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (EMPAER), Estação Experimental Pendência, Soledade, Paraíba, Brasil. Utilizou-se para o estudo acessos de palma forrageira, selecionados do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Opuntia spp.* da EMPAER, sendo cinco acessos de *Opuntia ficus-indica* (L.) Mill, doze de *Opuntia cochenillifera* (L.) Salm Dyck subgênero *Nopalea*, três de *Opuntia atropes* Rose, cinco de *Opuntia stricta* Haw, quatro de *Opuntia undulata* Griffiths e um de *Opuntia robusta* Wendl. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 30 acessos em três repetições, dispostos em espaçamento 1 x 0,1m (100.000 plantas/ha) em cultivo de sequeiro. Houve diferença significativa ($p < 0,01$) pelo teste F para a Estimativa de Produção de Massa Verde Total (MVT) (ton ha^{-1}). Obteve-se as seguintes médias MVT: 261,00 ton ha^{-1} para *O. atropes* Rose; 224,00 ton ha^{-1} para *O. cochenillifera* (L.) Salm Dyck subgênero *Nopalea*; 220,00 ton ha^{-1} para *O. stricta* Haw; 171,00 ton ha^{-1} para *O. ficus-indica* (L.) Mill; 111,00 ton ha^{-1} para *O. undulata* Griffiths; Por fim, 106,00 ton ha^{-1} para *O. robusta* Wendl. As estimativas dos parâmetros genéticos comprovam o efeito genético na expressão destes caracteres, com destaque para as estimativas de herdabilidade (h^2) de alta magnitude. Existe variabilidade genética entre os 30 acessos de palma forrageira em cultivo de sequeiro.

Palavras-chave: *Opuntia spp.*; Semiárido; Melhoramento genético.

Agradecimentos: A Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (EMPAER) e ao Programa de Pós-graduação em Engenharia Agrícola da Universidade Federal de Campina Grande-PB, entidade de financiamento CAPES.



PRODUÇÃO DE ACESSOS DE PALMA FORRAGEIRA EM CULTIVO IRRIGADO

Isaias Vitorino Batista de Almeida^{1*}; Mateus Costa Batista² José Thyago Aires Souza³; Leonardo Torreão Villarim de Medeiros¹; João Paulo de Farias Ramos¹

¹Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (EMPAER), Estação Experimental Pendência, Soledade, Paraíba. ²Instituto Nacional do Semiárido. ³Universidade Federal de Campina Grande (UFPB). *isaiasvba@gmail.com

A palma forrageira é a principal planta xerófila cultivada no Semiárido brasileiro, em função de seu potencial de produção e principalmente por ter resistência comprovada à seca, podendo sobreviver e crescer em baixas precipitações. Devido à importância econômica da cultura torna-se necessário a execução de um programa de melhoramento genético, com destaque para avaliação agrônômica de diferentes acessos. Dessa forma, objetivou-se com o presente estudo avaliar a produção e produtividade de acessos de palma forrageira em cultivo de sequeiro. O experimento foi realizado no período de fevereiro de 2019 a fevereiro de 2020 na Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (EMPAER), Estação Experimental Pendência, Soledade, Paraíba, Brasil. Utilizou-se para o estudo acessos de palma forrageira, selecionados do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Opuntia spp.* da EMPAER, sendo cinco acessos de *Opuntia ficus-indica* (L.) Mill, doze de *Opuntia cochenillifera* (L.) Salm Dyck subgênero *Nopalea*, três de *Opuntia atropes* Rose, cinco de *Opuntia stricta* Haw, quatro de *Opuntia undulata* Griffiths e um de *Opuntia robusta* Wendl. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 30 acessos em três repetições, dispostos em espaçamento 1 x 0,1m (100.000 plantas/ha) em cultivo irrigado por gotejamento, fornecendo 2 litros de água por planta/mês, administrada em intervalos de 15 dias. Houve diferença significativa ($p < 0,01$) pelo teste F para a Estimativa de Produção de Massa Verde Total (MVT) (ton ha^{-1}). Obteve-se as seguintes médias de MVT: 433,00 ton ha^{-1} para *O. atropes* Rose; 394,00 ton ha^{-1} para *O. cochenillifera* (L.) Salm Dyck subgênero *Nopalea*; 346,00 ton ha^{-1} para *O. ficus-indica* (L.) Mill; 297,00 ton ha^{-1} para *O. stricta* Haw; 167,00 ton ha^{-1} para *O. robusta* Wendl. Por fim, 138,00 ton ha^{-1} para *O. undulata* Griffiths. As estimativas dos parâmetros genéticos comprovam o efeito genético na expressão destes caracteres, com destaque para as estimativas de herdabilidade (h^2) de alta magnitude. Existe variabilidade genética entre os 30 acessos de palma forrageira em cultivo irrigado.

Palavras-chave: *Opuntia spp.*; Semiárido; Melhoramento genético.

Agradecimentos: A Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (EMPAER) e ao Programa de Pós-graduação em Engenharia Agrícola da Universidade Federal de Campina Grande-PB, entidade de financiamento CAPES.



DESCRIÇÃO DOS CARACTERES MORFOLÓGICOS VEGETATIVOS DE ACESSOS DE *Tropaeolum pentaphyllum* Lam.

Kaliandra Severina Mattei¹; Júlio Tagliari Balestrin¹; Juliana Marcia Rogalski¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – *Campus Sertão*. *kaliandramattei@gmail.com

A geófita *Tropaeolum pentaphyllum* Lam., conhecida como crem, apresenta tubérculos perenes e sistema caulinar aéreo anual. A espécie é considerada uma planta alimentícia não convencional, sendo um recurso genético com potencial de uso, indicada como alimentícia, medicinal e ornamental. Porém, encontra-se ameaçada de extinção. Este estudo objetivou descrever acessos de *T. pentaphyllum* do Alto Uruguai e da Serra Gaúcha (RS), por meio de 14 descritores morfológicos vegetativos (quantitativos e qualitativos). Em 2018 e 2019, foram conduzidos experimentos em casa de vegetação, no Instituto Federal do Rio Grande do Sul – *Campus Sertão*, com temperatura de 25°C e irrigação diária. Os tubérculos foram plantados individualmente em vasos plásticos, contendo como substrato turfa e composto orgânico (1:1). Os dados foram avaliados por estatísticas descritivas, sendo porcentagem (%) para caracteres qualitativos (observações); e média $\pm$ intervalo de confiança para caracteres quantitativos (mm). No plantio, os 109 tubérculos continham em média: 67,56 $\pm$ 13,33 g de massa; comprimento de 75,94 $\pm$ 6,96 mm; largura de 40,65 $\pm$ 2,29 mm; e espessura de 34,60 $\pm$ 1,94 mm. Os caules apresentaram coloração verde-clara (22,9%) ou verde-escura (77,1%) e espessura média de: 2,64 $\pm$ 0,15 mm na base; 1,78 $\pm$ 0,11 mm na região mediana; e 1,00 $\pm$ 0,05 mm no ápice caulinar. Ramificações laterais foram observadas em 35 acessos (32,1%). A liana fixa-se ao suporte pela torção de seus pecíolos, que apresentaram comprimento de: 33,37 $\pm$ 1,87 mm na base; 34,52 $\pm$ 1,86 mm no meio; e 21,81 $\pm$ 1,30 mm no ápice do caule. A distância entre pecíolos foi de: 26,81 $\pm$ 1,85 mm na base; 24,47 $\pm$ 1,55 mm no meio; e 17,90 $\pm$ 1,34 mm no ápice caulinar. As folhas continham frequentemente cinco folíolos (92,6%), sendo registrados também seis (5,5%) e sete folíolos (1,8%). Os folíolos apresentaram coloração verde-clara (52,3%) ou verde-escura (42,7%) e formato estreito (67,9%) ou arredondado (32,1%). O comprimento médio dos folíolos foi de: 19,12 $\pm$ 1,33 mm na base; de 21,13 $\pm$ 1,35 mm no meio; e 11,30 $\pm$ 0,60 mm no ápice caulinar. A largura média dos folíolos foi de: 9,51 $\pm$ 0,62 mm na base; 5,66 $\pm$ 0,33 mm no ápice; e 10,44 $\pm$ 0,63 mm no meio do caule. O crem apresentou grande variação para os descritores vegetativos avaliados, o que indica diversidade genética nos acessos e possivelmente variedades. A manutenção dos acessos será importante para a conservação da espécie, assim como, a descrição vegetativa poderá subsidiar projetos futuros de melhoramento genético.

Palavras-chave: conservação; diversidade genética; PANC.

Agradecimentos: BICTES/IFRS; ATP-B/CNPq; PET Conexões – Licenciatura em Ciências Agrícolas.



DESCRIÇÃO DOS CARACTERES MORFOLÓGICOS REPRODUTIVOS DE *Tropaeolum pentaphyllum* Lam.

Kaliandra Severina Mattei¹; Júlio Tagliari Balestrin¹; Juliana Marcia Rogalski¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – *Campus* Sertão. *kaliandramattei@gmail.com

A liana herbácea *Tropaeolum pentaphyllum* Lam., popularmente conhecida como crem, é nativa do Sul do Brasil. É uma planta alimentícia não convencional com potencial alimentar, medicinal e ornamental. Porém, a espécie encontra-se ameaçada de extinção. Assim, este estudo teve como objetivo descrever acessos de *T. pentaphyllum*, provenientes das regiões da Serra e do Alto Uruguai (RS). O experimento foi conduzido em casa de vegetação, no Instituto Federal do Rio Grande do Sul – *Campus* Sertão, com temperatura de 25°C e irrigação diária, durante os anos de 2018 e 2019. Os tubérculos foram plantados em vasos plásticos, contendo como substrato uma mistura de turfa e composto orgânico (1:1). Para avaliar os 42 acessos foram utilizados 26 descritores morfológicos reprodutivos (quantitativos e qualitativos). Os resultados foram analisados por meio de estatísticas descritivas, sendo média $\pm$ intervalo de confiança (mm) para os dados quantitativos; e porcentagem (%) para os qualitativos (observações). O pedúnculo floral, de coloração rosa, apresentou comprimento de $66,75 \pm 6,33$ mm. As flores possuem cálice pentâmero, de coloração verde-clara e máculas vermelhas (97,6%), onde as três sépalas inferiores se soldam formando o tubo floral, de coloração rosa-clara, e o calcar de coloração rosa esverdeada. Em um único acesso não foi registrado nas sépalas a presença de máculas (2,4%). O tubo floral apresentou comprimento médio de $18,55 \pm 0,79$ mm e diâmetro médio de $3,70 \pm 0,30$ mm. Esporadicamente, foi registrada a ocorrência de flores com mais de um tubo floral (dois e três). A largura média das sépalas foi de $4,47 \pm 0,23$ mm, e seu comprimento médio foi de $9,48 \pm 0,48$ mm. O calcar, local de acúmulo de néctar, possui comprimento médio de $6,40 \pm 0,49$ mm e diâmetro médio de $2,42 \pm 0,18$ mm. A maioria das flores de *T. pentaphyllum* apresentou duas pétalas (92,8%). Ocorreram, ainda, flores com três (2,4%), quatro (2,4%) e cinco (2,4%) pétalas. As pétalas unguiculadas apresentaram coloração vermelha, comprimento médio de $5,01 \pm 0,40$ mm e largura média de $2,38 \pm 0,20$ mm. As flores contêm oito estames e um estigma trifido, com ovário súpero, tricarpetal, trilobular e trilocular. Os frutos, do tipo esquizocarpo, apresentaram coloração azul-escura e continham de um a três mericarpos. O crem apresentou variações em relação aos descritores reprodutivos, indicando variabilidade genética e possivelmente variedades. A continuidade dos estudos poderá mostrar se as variações nos acessos são estáveis, bem como subsidiar a conservação e o melhoramento da espécie.

Palavras-chave: conservação; diversidade genética; PANC.

Agradecimentos: BICTES/IFRS; ATP-B/CNPq; PET Conexões – Licenciatura em Ciências Agrícolas.



FENOLOGIA REPRODUTIVA E BIOLOGIA FLORAL DE *Rubus erythrocladus* Mart. ex Hook.f. (ROSACEAE) NA REGIÃO DO ALTO URUGUAI (RS)

Júlio Tagliari Balestrin^{1*}; Kaliandra Severina Mattei¹; Juliana Marcia Rogalski¹

¹IFRS. *juliottbalestrin@gmail.com

O arbusto *Rubus erythrocladus* Mart. ex Hook.f. (amora-verde), endêmico do Brasil, apresenta grande potencial de uso, devido ao agradável sabor de seus frutos. O presente estudo teve como objetivo caracterizar a fenologia reprodutiva e a biologia floral de *R. erythrocladus* na região do Alto Uruguai/RS. O estudo foi realizado em 2020 num pomar doméstico em Getúlio Vargas/RS. Para registrar a fenologia reprodutiva, 12 indivíduos foram acompanhados semanalmente, sendo registradas a atividade e a intensidade das fenofases: botões florais, flores, frutos verdes e maduros. Os dados foram analisados por meio de estatística circular e a ocorrência de sazonalidade foi verificada pelo teste de Rayleigh através do software Oriana 4.02. Para avaliar a biologia floral, foram marcados e acompanhados 106 botões em pré-antese, sendo registrados em dias: a duração da flor (desde a antese até o intumescimento do ovário), das pétalas e sépalas e da disponibilidade de pólen; a taxa de frutificação; e o período de maturação do fruto a partir da antese floral. Os dados de biologia floral foram analisados através de estatísticas descritivas (porcentagem, amplitude e média $\pm$ intervalo de confiança). Botões florais foram observados desde o início de fevereiro até o final de março, com maiores atividade e intensidade na última semana de fevereiro. A floração foi observada da segunda semana de fevereiro até a primeira semana de abril, apresentando maiores atividade e intensidade na segunda semana de março. Frutos verdes foram observados desde a terceira semana de fevereiro até a terceira semana de abril, com maiores atividade e intensidade na última semana de março. Frutos maduros foram observados a partir da terceira semana de março até a quarta semana de abril, com maiores atividade e intensidade na segunda semana de abril. Assim, todas as fenofases apresentaram sazonalidade ($P < 0,01$) e sobreposição. A duração da flor foi de três a 10 dias ($\bar{x} = 5,4 \pm 0,5$) após a antese floral. As pétalas persistiram de um a cinco dias ($\bar{x} = 1,9 \pm 0,2$) após a antese floral; e as sépalas perduraram até a maturação dos frutos. Após a antese floral, a disponibilidade de pólen ocorreu por um (57,6%), dois (29,2%) ou três (13,2%) dias. A taxa de frutificação natural foi de 34,9%. A maturação dos frutos variou de 30 a 41 dias ($\bar{x} = 37,1 \pm 0,9$) após a antese floral. Os dados obtidos podem subsidiar futuros programas de melhoramento genético envolvendo *R. erythrocladus*, visto que a caracterização da biologia floral e da fenologia reprodutiva são fundamentais para planejamento e execução de cruzamentos.

Palavras-chave: *Rubus*; espécie endêmica; PANC.

Agradecimentos: PROBIC/FAPERGS e PET Conexões – Licenciatura em Ciências Agrícolas.



GERMINAÇÃO DE *Tropaeolum pentaphyllum* Lam. (TROPAEOLACEAE) NA REGIÃO DO ALTO URUGUAI (RS)

Júlio Tagliari Balestrin^{1*}; Daniela da Silva²; Tiago Lodi-Souza³; Kaliandra Severina Mattei¹; Juliana Marcia Rogalski¹

¹IFRS. ²UFRGS. ³BSA. *juliobalestrin@gmail.com

A liana herbácea *Tropaeolum pentaphyllum* Lam. (crem), nativa da região sul do Brasil, apresenta grande potencial de uso alimentar (tubérculos e flores), porém a extração *in situ* de tubérculos ao longo dos anos reduziu drasticamente suas populações naturais colocando a espécie em risco de extinção. O presente estudo objetivou testar a germinação de sementes de *T. pentaphyllum* em condições de luz natural e sombreamento visando à produção de tubérculos-semente para fins conservação e cultivo. O experimento foi conduzido entre 2017 e 2019, em casa de vegetação com condições controladas (irrigação diária e temperatura de 25°C), no IFRS – Campus Sertão. A semeadura ocorreu em bandejas de isopor com 200 células, contendo turfa como substrato. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, com dois tratamentos (luz natural e sombreamento) e cinco repetições com 10 sementes cada, totalizando 100 sementes. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($\alpha = 0,05$). Também foram avaliados porcentagem, amplitude e média $\pm$ desvio padrão das seguintes variáveis: tempo de germinação das sementes (dias); massa seca do sistema caulinar aéreo (g); altura final das plantas (mm); número de folhas; taxa de formação de tubérculos (%); e massa dos tubérculos formados (g). Um ano após a implantação do experimento, a germinação foi maior com sombreamento (48,0%) que em luz natural (18%). No segundo ano, 12% das sementes germinaram em sombreamento e 6,0% em luz natural, não diferindo estatisticamente entre si. No total, a germinação de sementes foi maior em sombreamento (60,0%) que em luz natural (24,0%). O tempo de germinação das sementes variou de 145 a 528 dias ($\bar{x} = 198 \pm 97,9$) após a semeadura. A massa seca do sistema aéreo caulinar variou de 0,1 a 1,0 g ($\bar{x} = 0,3 \pm 0,2$). A altura final das plantas variou de 8,5 a 123,2 mm ($\bar{x} = 48,0 \pm 25,4$) e o número de folhas variou de seis a 74 ($\bar{x} = 30,0 \pm 16,6$). Todas as plantas formaram tubérculos. A massa dos tubérculos variou de 0,04 a 1,1 g ($\bar{x} = 0,5 \pm 0,3$). A maior germinação de sementes sombreadas pode indicar que as sementes sejam fotoblásticas negativas preferenciais. O longo período de germinação indica a formação de banco de sementes, o que seria uma importante estratégia de sobrevivência *in situ*. Em razão da alta formação de tubérculos-semente a germinação de sementes de *T. pentaphyllum* pode ser muito importante na produção de tubérculos e na ampliação da diversidade genética dos cultivos.

Palavras-chave: PANC; espécie ameaçada; fotoblastismo.

Agradecimentos: ATP-B/CNPq, PIBIC/CNPq, PROBIC/FAPERGS e PET Conexões – Licenciatura em Ciências Agrícolas.



VARIABILIDADE MORFOAGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO

Catiane dos Santos Braga¹; Sérgio Alessandro Machado Souza²

¹Universidade Estadual Norte Fluminense-UENF. ²Universidade do Estado de Mato Grosso- UNEMAT. E-mail: katianedossantos16@hotmail.com

O estudo de genótipos locais de feijão possibilita encontrar materiais mais adaptados as condições bióticas e abióticas de uma determinada região. Nesse contexto, essa é a oportunidade perfeita para explorar o germoplasma norte mato-grossense que carece de ser mais explorado. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi realizar a caracterização morfoagronômica de treze genótipos de feijão, com base em descritores qualitativos. O experimento foi instalado em casa de vegetação na Universidade do Estado de Mato Grosso, campus de Alta Floresta entre os meses de junho e setembro de 2019. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com treze tratamentos e dez repetições. Quatro genótipos eram pertencentes a espécie *Phaseolus vulgaris* L. (PV); oito a *Vigna unguiculata* (L.) Walp. (VU) e uma espécie de *Phaseolus lunatus* L. (PL). Apenas PV06 e PV08 apresentaram hábito de crescimento determinado, sendo ambos da espécie *P. vulgaris*. O formato triangular a circular do ápice do folíolo central foi observado em quase todas as plantas do gênero *Vigna*, com exceção de VU07 que apresentou o formato triangular. Com relação aos caracteres de inflorescência 61,53% dos genótipos apresentaram estandarte e asa de coloração branca e 38,47% apresentaram coloração violeta. Nos genótipos do gênero *Vigna*, as plantas que apresentaram estandarte e asa de coloração branca, apresentaram sementes de mesma coloração. A cor primária de todas as vagens foi verde. Já para a cor secundária houve variação, onde: os genótipos PV01, PV06, PV08 e PV09 apresentaram vagem de cor secundária rosa; já VU04, VU05, VU07, VU10, VU11 e VU12 a cor secundária foi roxa, e o genótipo VU03 de cor vermelha. VU02 e PL13 não apresentaram pigmento secundário. Em relação as sementes, 53,84% eram de forma esférica (VU03, VU04, VU05, VU10, VU11, VU12, PL13); 23,07% de forma elíptica (PV09, VU02, VU07) e 23,07% reniforme curta (PV01, PV06, PV08). O perfil predominante observado foi de sementes semicheias (61,53%), cheias (30,76%) e achatado (7,69%). Em relação a coloração primária das sementes houve predomínio da cor bege (PV01, PV09, VU02, VU05, VU10, VU11, VU12), seguidas pelas brancas (VU03, VU04, VU07), rosa (PV06), marrom (PV08) e vermelha (PL13). Já para a cor secundária da semente, alguns genótipos não apresentaram, e os demais eram marrons (PV01, PV08, PV09, VU12) ou violetas (VU05 e VU11). Os caracteres morfoagronômicos qualitativos mostraram que os genótipos de feijão possuem variabilidade, e isso representa que são fontes de recursos genéticos que devem ser conservados e usados em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: Recursos genéticos, *Phaseolus*; *Vigna*.

Agradecimentos: CAPES (Código de financiamento 001).



BIOMETRIA DE FRUTOS E SEMENTES DE *ACCA SELLOWIANA* (O. BERG) BURRET

Danielle da Silva^{1*}; Vanessa Miranda¹; Paulo Tamaso Miotto¹; Neusa Steiner¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Departamento de Botânica, Laboratório de Fisiologia Vegetal. *E-mail do autor apresentador: dsdanielledasilva@gmail.com.

Acca sellowiana (O. Berg) Burret é uma pequena árvore conhecida popularmente como goiabeira-serrana e pertence à família Myrtaceae. Na serra catarinense, local considerado como centro de dispersão da espécie, a distribuição natural ocorre na Floresta Ombrófila Mista e em pomares particulares. Seu fruto é similar ao da goiabeira comum, mas apresenta casca verde, espessa, rica em taninos e não comestível. A polpa apresenta cor que varia entre gelo a amarelado, sabor singular doce-acidulado e aroma penetrante. O fruto ainda pode apresentar mais de 100 sementes dispersas em sua polpa firme e gelatinosa, sendo pequenas e duras. Recentemente, o interesse pela goiaba serrana vem aumentando em diversos países pelo seu potencial produtivo alimentar, ornamental e nutracêutico. Em Santa Catarina, iniciativas têm promovido o uso e a conservação de *A. sellowiana* desde a década de 80, culminando no lançamento das primeiras variedades brasileiras: “Alcântara”, “Helena”, “Mattos” e “Nonante”, através de uma parceria entre a Epagri e a UFSC. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar os parâmetros biométricos de frutos e sementes das variedades de *A. sellowiana* comparativamente a uma população natural. Os frutos das variedades foram coletados no município de São Joaquim nos anos de 2019 e 2020, enquanto os frutos da população natural foram coletados no município de Paineiras em 2019. Para o desenvolvimento do trabalho, foram amostrados e pesados 10 frutos inteiros de cada variedade e da população natural, juntamente com a casca, a polpa e as sementes para fins de análises biométricas. Posteriormente, estes frutos foram despulpados e as sementes extraídas através de maceração enzimática. A população natural apresentou frutos mais leves do que as variedades, com média de 38,2 g por fruto, contudo, suas sementes são as mais pesadas (7,5 mg) e apresentam o maior teor de água (15,3%). Os frutos coletados em 2019 tiveram uma variação de peso, entre 38,2 a 56,6 g. A variedade Nonante apresentou maior porcentagem de casca (76,1%) do peso total do fruto. “Alcântara” apresentou a maior porcentagem de polpa, alcançando 40,3%, e apresentou o maior número de sementes por fruto em média (118 ± 69 sementes). Em 2020, os frutos coletados foram maiores variando entre 97,5 a 128,9 g. “Mattos” apresentou a maior porcentagem de casca com 76,4% em contrapartida, a variedade Nonante apresentou 35,4% de polpa do peso total do fruto, e o maior número de sementes por frutos (185 ± 42).

Palavras-chave: Espécie nativa; feijoa; Myrtaceae.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, Epagri, PPGFAP e PPGRGV.



DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DE FRUTOS DE MACAÚBA (*Acrocomia aculeata*)

Ana Valéria Costa da Cruz¹; Beatriz da Silva Rodrigues¹; Clarissa Gomes Reis Lopes¹; Michelli Ferreira dos Santos¹; Marcones Ferreira Costa^{1*}

¹Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor apresentador: marconescosta@ufpi.edu.br.

A caracterização morfológica é uma das ferramentas que auxilia na determinação da diversidade genética entre as populações de uma espécie. Esta análise permite conhecer a variabilidade genética das populações a partir da caracterização dos frutos. Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade morfológica entre duas populações de macaúba (*Acrocomia aculeata*) pertencentes ao estado do Maranhão, por meio de análises multivariadas. Mediram-se os parâmetros: comprimento, diâmetro, peso e relação comprimento/diâmetro dos frutos. Dez macaúbas foram analisadas para cada população e identificadas de 1 a 20 conforme ordem de coleta, sendo que as palmeiras 1 a 10 pertencem à população I (Mata) e as palmeiras 11 a 20 a população II (Quinta). A diversidade foi estimada levando em consideração os resultados obtidos da caracterização física dos frutos. A partir, da matriz de distância euclidiana, aplicou-se a técnica UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages), que reuniu as palmeiras em quatro grupos, de modo que a obtenção de grupos distintos indica presença de variabilidade genética no material coletado. Assim o grupo I reuniu 2,5% das macaúbas, sendo este o grupo considerado como o mais divergente, uma vez que agrupou as plantas de frutos com os maiores pesos, característica importante para programas de melhoramento genético. O grupo II compilou 35% das plantas, o grupo III alocou 20% das palmeiras amostradas e o grupo IV reuniu a maioria dos genótipos das duas populações (40%). Os dois primeiros componentes principais acumularam 96,3% da variância total. Em que o primeiro componente explicou 78,6% e o segundo 17,7% da variação dos dados. Com base nos coeficientes de ponderação, ficou evidente a contribuição das variáveis peso e comprimento do fruto para o primeiro componente, enquanto que para o segundo componente destacaram-se as variáveis comprimento e diâmetro do fruto. A análise de componentes principais, do mesmo modo que a método de agrupamento UPGMA confirmaram a maior divergência do genótipo 12 em relação às demais macaúbas, sendo que o mesmo apresentou as maiores medidas para peso dos frutos.

Palavras-chave: caracterização; divergência; palmeira.

Agradecimentos: Universidade Federal do Piauí.



POTENCIAL DE ENRAIZAMENTO DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PORTA-ENXERTOS DE VIDEIRA

Isadora T. C. Malohlava^{1*}; Fabio R. de Freitas¹; Thainá C. Graciano¹; Sabrina Sautchuk¹; José A. Voltolini¹; Douglas A. Würz²; Aparecido L. da Silva¹; Alberto F. Brighenti¹

¹Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais - Universidade Federal de Santa Catarina. ²Instituto Federal de Santa Catarina – Campus Canoinhas. *E-mail: isamalohlava@gmail.com.

A utilização de porta-enxertos é uma técnica muito utilizada para aumentar a qualidade das bagas e produtividade do vinhedo, além de atuar diretamente na resistência à doenças, sendo um dos principais fatores para obtenção de um vinhedo com alta qualidade. Com isso o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de enraizamento e desenvolvimento do sistema radicular de 17 porta-enxertos videira. O trabalho foi realizado na Universidade Federal de Santa Catarina, no Centro de Ciências Agrárias, Florianópolis/SC, no período de agosto a novembro de 2019. Os diferentes porta-enxertos foram coletados no período de dormência de plantas matrizes mantidas na coleção da Embrapa Clima Temperado - Canoinhas. Os porta-enxertos avaliados foram: 3309 C, 101-14 Mgt, Paulsen 1103, 99 R, 110 R, Kobber 5BB, SO4, 420A Mgt, Solferino, Gravesac, IAC 572, IAC 766, IAC 313, Harmony, Freedom, Salt Creek e VR 043-43. O material vegetal foi segmentado em estacas com aproximadamente 30 cm de comprimento, selecionando as com 8 e 10 mm de diâmetro. As estacas foram submetidas à estratificação em câmara de resfriamento, com uma temperatura média de $2 \pm 1^\circ\text{C}$, por 10 dias. Após, foram feitas duas lesões em sentido longitudinal, com aproximadamente 3 cm de comprimento, na base de cada estaca. Foram avaliadas a porcentagem de enraizamento, número médio de raízes, comprimento médio das raízes expressa em cm, massa fresca de raízes e massa seca de raízes, ambos expressos em g. Os porta-enxertos que apresentaram melhores índices de sobrevivência foram 101-14 Mgt (95%), SO4(85%), Solferino(82,5%), 99 R(85%), IAC 572(87,5%), IAC 766(85%), não diferindo estatisticamente entre si. Para a variável de número médio de raízes os porta-enxertos que apresentaram melhor média foram 3309 C (14,2), 101-14 Mgt (15,5), Gravesac (16,2), 99 R (14,1), Freedom (15,1), não diferindo entre si. Para o comprimento de raízes apenas IAC 572 e Freedom apresentaram melhores médias com 19,5 e 20,7cm respectivamente. Para massa fresca e massa seca das raízes os que apresentaram melhores médias foram Paulsen 1103 (1,31 e 0,47g), Kobber 5BB (1,78 e 0,66g) e IAC 572 (2,23 e 0,70g). Dos 17 porta-enxertos avaliados pode-se concluir que os que mais se destacaram foram 101-14 Mgt, Paulsen 1103, SO4, Solferino, Gravesac, 99 R, IAC 766, Freedom e o IAC 572.

Palavras-chave: propagação vegetativa; enraizamento de estacas; percentual de enraizamento.

Agradecimentos: Os autores agradecem à CAPES pelo fomento à pesquisa e pela concessão da bolsa de estudos.



DESEMPENHO AGRONÔMICO DE QUATRO GENÓTIPOS DE VIDEIRA RESISTENTES A DOENÇAS FÚNGICAS NO SUL DO BRASIL.

Isadora T. C. Malohlava^{1*}; Sabrina Sautchuk¹; Thainá C. Graciano¹; Marina D. C. Coutinho¹; Emilio Brighenti²; André L. K. de Souza²; Aparecido L. da Silva¹; Alberto F. Brighenti¹

¹Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais - Universidade Federal de Santa Catarina. ²Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Epagri. *E-mail: isamalohlava@gmail.com.

Os genótipos Gf.21, Gf.04, Gf.10 e Gf.13 são seleções derivadas do programa de melhoramento genético da videira “Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof” na Alemanha, apresentam elevada resistência ao míldio e ao oídio e potencial para a elaboração de vinhos de qualidade. Com isso o objetivo desse trabalho foi determinar o desempenho agronômico dos genótipos Gf.21, Gf.04, Gf.10 e Gf.13 cultivados em região de altitude em São Joaquim – SC. O experimento foi realizado na Vinícola Suzin, localizada na cidade de São Joaquim (28°13"S and 50°04"W, altitude 1.100 m), na safra de 2019. As quatro seleções foram implantadas em 2016, enxertadas em Paulsen 1103, no espaçamento de 3,0 entre linhas por 1,2m entre plantas. As plantas foram conduzidas em espaldeira e podadas em cordão esporonado. No momento da colheita foram determinados produtividade (kg planta⁻¹ e T ha⁻¹). Também foi avaliada a maturação tecnológica, o teor de sólidos solúveis (°Brix), a acidez total (meq L⁻¹) e o pH. Para a variável de produção por planta e produtividade por hectare a seleção que mais se destacou foi Gf.10 com 2,6 kg planta⁻¹ e 7,3 toneladas ha⁻¹, seguido pela Gf.13 com 1,8 kg planta⁻¹ e 5,0 toneladas ha⁻¹ e por último as Gf.21 e Gf.4 que não tiveram diferença estatística entre si com 1 kg planta⁻¹ e 2,8 toneladas ha⁻¹ e 0,9kg planta⁻¹ e 2,5 toneladas ha⁻¹ respectivamente. Quanto à maturação tecnológica da uva, que determina a qualidade final das bagas e que interfere diretamente na qualidade final do vinho, observou-se que a seleção que obteve melhor resultado foi a Gf.21 com 22,9°Brix, seguido pela Gf.4 com 20,4°Brix, Gf.10 18,8°Brix e por fim a Gf.13 com 17°Brix. Para a variável pH, não houve diferença estatística entre as seleções e os valores obtidos se encontraram entre 3,3 e 2,9. Para acidez total a Gf.21 e Gf.4 não diferiram entre si, com 110,9 meq L⁻¹ e 109,0 meq L⁻¹ respectivamente, seguido pela Gf.10 com 72,4 meq L⁻¹ e Gf.13 56,6 meq L⁻¹. As seleções que apresentam melhores índices qualitativos das bagas foram a Gf.21 e Gf.4, mostrando que têm potencial para produção de vinhos de qualidade. Para os índices produtivos, todas as seleções apresentaram valores satisfatórios para primeiro ano de produção.

Palavras-chave: PIWI; Resistência genética; viticultura de altitude.

Agradecimentos: Os autores agradecem à FAPESCPelo fomento à pesquisa e à CAPES pela concessão da bolsa de estudos.



ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO ENTRE AS VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS DOS FRUTOS DE MACAÚBA

Ana Valéria Costa da Cruz¹; Beatriz da Silva Rodrigues¹; Clarissa Gomes Reis Lopes¹; Michelli Ferreira dos Santos¹; Marcones Ferreira Costa^{1*}

¹Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor apresentador: marconescosta@ufpi.edu.br.

Existe grande variabilidade nas diferentes espécies de palmeiras tropicais, em relação às características morfológicas e físicas dos frutos. Essas informações são importantes para auxiliar na caracterização das espécies do mesmo gênero e desempenha um papel importante relacionado aos aspectos ecológicos, contribuindo para o conhecimento do processo de germinação, viabilidade e métodos de propagação. Diante da grande diversidade de palmeiras, poucos estudos dessa natureza são relatados na literatura. Nesse contexto, neste trabalho, objetivou-se estabelecer as correlações entre variáveis dos frutos de macaúba (*Acrocomia aculeata*), importante palmeira oleaginosa neotropical, que apresenta alto potencial para a produção de biocombustíveis, especialmente em regiões tropicais secas. Os frutos maduros de macaúba (n=400) foram coletados em dez palmeiras, no município de Fortuna, Maranhão. Foram avaliados o comprimento, diâmetro, peso e razão comprimento / diâmetro (C/D) dos frutos. A normalidade dos dados foi analisada pelo teste de Shapiro-Wilk, como os dados não apresentavam distribuição normal, foi estimada a correlação não paramétrica de Spearman a 5% de probabilidade para a associação entre as características biométricas e físicas dos frutos. Segundo as estimativas de correlação, apenas os valores diâmetro do fruto e razão C/D não foram significativos (-0,123). As correlações entre as variáveis comprimento x diâmetro do fruto (0,832), comprimento x peso do fruto (0,734) e peso do fruto x diâmetro do fruto (0,839) foram altas, positivas e significativas, mostrando que estas características estão fortemente relacionadas. A correlação peso do fruto x razão C/D apresentou uma baixa correlação, porém significativa (0,173). Os dados apresentados são importantes, uma vez que podem auxiliar na seleção de determinado caráter de interesse, já que a partir de dados de correlação é possível avaliar o quanto a alteração em um caráter pode afetar os demais. Neste caso em particular foi possível concluir que os frutos de macaúba com maior comprimento apresentam os maiores valores para diâmetro e peso. Deste modo, quanto maior for o fruto maior será seu peso.

Palavras-chave: biometria; caracterização; morfologia dos frutos.

Agradecimentos: Universidade Federal do Piauí.



FENOLOGIA E CRESCIMENTO DE GIRASSOL EM DIFERENTES ÉPOCAS DE SEMEADURA E ARRANJOS ESPACIAIS EM PLANTIO DIRETO

Ellen Rayssa Oliveira^{1*}; Gisele da Silva Machado¹; Clovis Pereira Peixoto¹

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *ellen.rayoli@gmail.com

Embora o girassol se destaque por apresentar ampla capacidade de adaptação em diferentes ambientes, caracterizar-se pela sua rusticidade, tolerância a baixas temperaturas, relativa resistência à seca e rendimento pouco influenciado pela altitude e fotoperíodo, não apresenta mesmo desempenho nos diferentes agroecossistemas. Sabendo-se da interação presente nas espécies vegetais entre genótipos e ambiente, e que existe variação do desempenho desses em função da região e da época de semeadura, faz-se necessário a avaliação contínua desses materiais, visando o conhecimento do desempenho agrônomo bem como da adaptação dos mesmos nas condições locais, a fim de se proceder à indicação de cultivares. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a fenologia e o crescimento de híbridos de girassol nas condições do Recôncavo da Bahia em diferentes épocas de semeadura e arranjos espaciais de plantas. Os experimentos foram instalados no Campo Experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, em dois anos de cultivo. Para cada época de semeadura foi instalado um experimento no delineamento em blocos casualizados em esquema de parcelas subdivididas no espaço, onde nas parcelas ficaram os tratamentos principais os diferentes arranjos espaciais de planta arranjo 1- A1 (0,45 m x 0,49 m); arranjo 2- A2 (0,70 m x 0,32 m) e arranjo 3- A3 (0,90 m x 0,25 m), e nas subparcelas os tratamentos secundários que foram os híbridos de girassol (Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3) em seis repetições. As três épocas de semeadura foram: época 1, EP1 (segunda quinzena de maio); época 2, EP2 (segunda quinzena de junho) e época 3, EP3 (segunda quinzena de julho) nos dois anos da pesquisa. Avaliou-se a fenologia da planta do girassol, o acúmulo da massa da matéria seca (MST) bem como a área foliar (AF) ao longo do ciclo da cultura. A variação temporal da MST e da AF foi ajustada pela função polinomial exponencial $\ln(y) = a + bx^{1,5} + cx^{0,5}$. As informações obtidas por meio do acompanhamento fenológico, acúmulo da massa da matéria seca e o incremento da área foliar, permitem precisar as causas de variação entre os híbridos de girassol submetidos aos diferentes manejos. O encurtamento no ciclo dos híbridos principalmente na EP3 nos dois anos de estudo é influenciado pela precipitação pluvial. A redução no acúmulo de massa da matéria seca e da área foliar é significativamente influenciada pelas épocas de semeadura.

Palavras-chave: *Helianthus annuus* L.; Massa da matéria seca; Área foliar.

Agradecimentos: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Grupo de pesquisa Manejo de Plantas em Ecossistemas Neotropicais (MaPENeo).



VARIABILIDADE EM GENÓTIPOS DE AMENDOIM PRODUZIDOS POR PEQUENOS AGRICULTORES DO RECÔNCAVO BAIANO

Ellen Rayssa Oliveira^{1*}; Luiz Fernando Melgaço Bloisi¹; Clovis Pereira Peixoto¹

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *ellen.rayoli@gmail.com

A cultura do amendoim possui grande importância para a região do Recôncavo Baiano, com destaque para os municípios de Maragogipe e Cruz das Almas como maiores produtores, onde o amendoim é cultivado basicamente por pequenos e médios produtores. A caracterização de genótipos é essencial para a utilização nos programas de melhoramento, tendo como base características fenotípicas que geram uma grande quantidade de informações. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade existente entre os genótipos de amendoim produzidos por pequenos produtores no Recôncavo Sul Baiano, por meio de métodos de agrupamento como os de: Scott Knott, Tocher e UPGMA. O trabalho foi realizado na área experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A. (EBDA), no município de Conceição do Almeida-BA, situado no Recôncavo Sul Baiano, em um delineamento inteiramente casualizado e um esquema fatorial de 15 x 5 (genótipos x análises no tempo), com cinco plantas por linha em duas repetições. Para as análises morfológicas de crescimento utilizou-se o método não destrutivo a partir do 21º dia após a emergência e, para as análises morfológicas do legume e produção, aos 96 dias após emergência. Foram analisadas as seguintes características: altura da haste principal, diâmetro da haste principal, número de folhas e número de ramificações, comprimento de legumes, diâmetro de legumes, número de grãos por legume, número de legumes, massa da matéria fresca de legumes, massa da matéria seca de legumes e massa da matéria seca de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância para averiguação de variabilidade das características entre os acessos e, em seguida, os valores médios foram ordenados segundo o teste de agrupamento Scott-Knott, a 5% de probabilidade. As análises multivariadas foram implementadas por meio de técnicas de agrupamento hierárquico, com base nos métodos UPGMA (Unweighted Pair Group Method Average), utilizando a Distância Euclidiana Média como medida de dissimilaridade. A otimização foi verificada por meio do método de Tocher. Foi realizada uma correlação de Pearson para demonstrar a importância das características morfológicas de crescimento em relação às características morfológicas do legume e produção. Houve diferença significativa entre as variáveis dos genótipos analisados por meio do teste Scott-Knott, com exceção das características de produção, onde apenas a variável número de legumes diferiu significativamente. Os métodos de UPGMA e Torch demonstram haver baixa variabilidade entre os genótipos, mas apresentam concordância na formação de grupos. As características morfológicas podem ser consideradas descritores importantes para a distinção de genótipos superiores, pois apresentam diferenças estatísticas, pelo teste de Scott-Knott, com a formação de diferentes grupos, demonstrando assim, haver variabilidade entre as características dos genótipos avaliados.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L.; Morfologia; Correlação.

Agradecimentos: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EBDA), Grupo de pesquisa Manejo de Plantas em Ecossistemas Neotropicais (MaPENeo).



QUEBRA DE DORMÊNCIA EM TÚBERAS DE INHAME (*Dioscorea* SP.)

Crislaine Alves dos Santos^{1*}; Jéssika Andreza Oliveira Pinto¹; Caroline Alves Soares¹; Itamara Bomfim Gois¹; Maria de Fátima Arrigoni-Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe – Campus São Cristóvão. *cris.al.sa@hotmail.com.

O Inhame é uma hortaliça tuberosa que apresenta importância em nível mundial devido ao seu potencial uso industrial. No Brasil, apresenta importância social e econômica para a região Nordeste, sendo fonte de renda, emprego e alimento para a população. A propagação do inhame é realizada por meio da fragmentação das suas raízes comerciais ou de túberas-semente inteiras, sendo estes últimos os mais utilizados pelos produtores. No entanto, o uso destes propágulos apresenta limitações devido a dormência da túbera-semente, o alto custo de aquisição e a contaminação por patógenos, fatores que vêm contribuindo para o abandono do cultivo. Sendo assim, o objetivo do trabalho foi avaliar o efeito de diferentes concentrações de Ethrel® e a necessidade de repouso fisiológico na quebra de dormência de raízes comerciais de inhame e de túberas-semente. Para isso foram realizados dois experimentos. No primeiro, com as raízes comerciais de inhame, foi adotado o delineamento experimental em blocos casualizados em esquema fatorial 4x2x3, sendo quatro concentrações de Ethrel® (0, 10, 20 e 40 mL.L⁻¹), dois períodos de repouso (com e sem repouso) e três posições da raiz comercial (cabeça, meio e cauda). No segundo, com as túberas-semente, foi adotado o delineamento experimental em blocos casualizados em esquema fatorial 4x2, sendo quatro concentrações de Ethrel® (0, 10, 20 e 40 mL.L⁻¹) e dois períodos de repouso (com e sem repouso fisiológico). Foram avaliadas as variáveis tempo médio para brotação e tempo para atingir o tamanho para plantio (15 cm). Os dados referentes aos fatores posição e repouso fisiológico foram comparados pelo teste de Tukey, e as concentrações de Ethrel® ajustadas pelo modelo de regressão polinomial quadrático. A concentração 10 mL.L⁻¹ de Ethrel® promoveu a uniformização da brotação das diferentes posições das raízes comerciais de inhame submetidas ao período de repouso fisiológico, reduziu em 31 dias o tempo para surgimento de brotação na parte da cauda com repouso, em relação ao controle, e prolongou em 23 dias o surgimento de brotação na parte da cabeça. Para as túberas-semente, os fatores estudados não influenciaram significativamente as variáveis analisadas.

Palavras-chave: propagação vegetativa; Ethrel®; repouso fisiológico.

Agradecimentos: CAPES e UFS.



ASPECTOS ANATÔMICOS DA TUBERIZAÇÃO DE ESTACAS CAULINARES DE INHAME

Lucas de Jesus Santos^{1*}; Crislaine Alves dos Santos¹; Itamara Bomfim Gois¹;
Andrea Santos da Costa¹; Taise Conceição Rodrigues¹; Maria de Fátima
Arrigoni-Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe – Campus São Cristóvão.
*lucas998670833@gmail.com.

O inhame pertence à família Dioscoreacea e ao gênero *Dioscorea*, o qual possui mais de 600 espécies que apresentam diversas utilidades nas indústrias farmacêutica e alimentícia. No Brasil, o seu cultivo é comum na região Nordeste e é realizado por pequenos agricultores por meio da propagação vegetativa. O processo de formação dos órgãos de reserva não foi totalmente elucidado até o momento, assim, o objetivo deste trabalho foi acompanhar as alterações anatômicas durante o processo de tuberização de estacas caulinares de inhame. Estacas obtidas de ramas de inhame foram plantadas em tubetes contendo substrato comercial e mantidas em casa de vegetação com sistema de nebulização intermitente. A cada sete dias após o plantio, durante 56 dias, foram retiradas seis estacas para as análises histológicas. A região nodal que ficou em contato com o substrato foi submetida ao processo de emblocamento em histoiresina LEICA, seccionada na espessura de 10 µm utilizando um micrótomo semiautomático e corada por 20 segundos com azul de toluidina e por 30 segundos com iodo a 2%. A partir da análise histológica realizada no início do experimento, observou-se as seguintes estruturas: epiderme, parênquima cortical, floema e xilema. A ausência de amido no parênquima foi comprovada por meio da coloração com iodo a 2%. Aos sete dias do início do experimento, observou-se o processo de divisão celular próximo a região do parênquima cortical, além da presença de amido nesta região. O processo de divisão celular e de acúmulo de amido na região do parênquima amiláceo continuou sendo observado na região nodal do caule aos 14, 21, 28, 35, 42 e 56 dias após o plantio. O acúmulo de amido no parênquima da minitúbera pôde ser visualizado a partir do 28º dia após o plantio. Com base no observado, pode-se inferir que a formação de minitúberas é iniciada por meio do processo de divisão celular no caule e da mudança do parênquima cortical para um parênquima amiláceo, ocorrendo a translocação dos assimilados para formação do órgão de reserva.

Palavras-chave: *Dioscorea* sp.; órgãos de reserva; propagação vegetativa.

Agradecimentos: CAPES, FINEP e UFS.



PRODUTIVIDADE DE MATÉRIA SECA DE FORRAGEM E MASSA SECA DE FOLHAS DE GENÓTIPOS DE *CYNODON* E *DIGITARIA* IMPLANTADOS NA REGIÃO SUL DO BRASIL

Josiane Duarte de Carvalho¹; Andrea Mittelman²; Flavio Rodrigo Gandolfi Benites³, Luis Guilherme Ramos Tavares¹, Rodrigo Porto Veronez⁴, Lucas Costa Ferreira¹

¹Estudantes Universidade Federal de Pelotas, Estagiários Embrapa. ²Embrapa Gado de Leite/ Embrapa Clima Temperado. ³Embrapa Gado de Leite. ⁴Estudante IFRS Campus Ibirubá, Estagiário Embrapa. *josianedc@hotmail.com

Plantas forrageiras pertencentes aos gêneros *Cynodon* e *Digitaria* caracterizam-se por apresentarem alta qualidade forrageira, fácil estabelecimento de pastagem e serem de ampla distribuição geográfica. Desta forma, é de extrema importância conhecer os índices de produtividade de tais forrageiras. O trabalho teve como objetivo estudar a produtividade de matéria seca de forragem e massa seca de folhas de genótipos de *Cynodon* e *Digitaria* na região Sul do Brasil. O trabalho foi realizado no município de Capão do Leão – RS, na safra 2019/2020, na Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado. O experimento era composto por quatorze tratamentos, sendo cinco genótipos de *Digitaria*, sete de *Cynodon* e duas testemunhas (Tifton-85 e Grama-estrela Roxa). O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três repetições. O transplante das mudas ocorreu no dia 05/04/2019, em parcelas de quatro metros quadrados, sendo colocadas três mudas no centro de cada parcela. As avaliações ocorreram nos dias 01/07/2019, 30/09/2019 e 07/02/2020 e abrangeram o corte da forragem a altura de sete centímetros e aferição de peso de forragem verde e seca. As lâminas foliares foram separadas e pesadas. Quando avaliada a média de produtividade de forragem verde (kg/ha) em três cortes, foi encontrado que os clones que apresentaram melhor desempenho foram: DIG5:3793,10; EGL1623:2761,91; DIG4:2746,38; seguidos por EGL1651:2734,94; DIG1:2646,80; DIG3:2445,16; EGL1620:2294,71; EGL17171:2203,98; EGL1754:1949,02; DIG7:1888,80; Tifton85:1887,65; EGL17126:1815,91; GERoxa:1311,69 e EGL1747:1291,55. Em relação à média de produtividade de massa seca de folhas (kg/ha) em dois cortes da forrageira, verificou-se que os clones que apresentaram melhor desempenho foram: DIG5:1245,10; EGL1651:1161,45; DIG4:1075,37; EGL1623:1057,54; EGL17171:948,55; DIG1:914,54; Tifton85:843,00; EGL17126:814,87; DIG3:699,87; EGL1754:628,47; EGL1620:572,47; EGL1747:515,27; DIG7:488,73 e GERoxa:461,20. Desta forma, foi possível observar que o genótipo DIG5 demonstrou ser mais produtivo, tanto em massa seca de forragem como em massa seca de folhas para a região sul do Brasil quando comparado aos demais clones.

Palavras-chave: Gramínea; pastagem; Poaceae.

Agradecimentos: Embrapa, UFPel.



ANÁLISE QUÍMICA EM PÓLEN APÍCOLA MONOFLORAL DE DENDEZEIRO (*Elaeis guineensis* JACQ., ARECACEAE)

Alexsandro dos Santos Sousa¹; Marília Grazielly Mendes dos Santos^{2*}; Daniela Santos Carneiro Torres³; Francisco de Assis Ribeiro dos Santos³

¹Laboratório de Micromorfologia Vegetal, Universidade Estadual de Feira de Santana;

²Laboratório Flora e Vegetação, Universidade Estadual de Feira de Santana;

³Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana.

*mara_cte@hotmail.com

O pólen apícola monofloral é proveniente de uma espécie ou do predomínio de um tipo botânico na amostra. Destaca-se pela importância econômica com propriedades nutricionais e bioativas. Cada tipo polínico tem características específicas, podendo variar em sua composição química. Assim, buscou-se caracterizar o pólen apícola de dendezeiro (*Elaeis guineensis* Jacq.) quanto ao teor de proteínas solúveis totais (PST), açúcares solúveis totais (AST) e açúcares redutores (AR). Para tanto, coletou-se pólen em apiários localizados em plantações de dendezeiro (*Elaeis guineensis* Jacq.), em Nilo Peçanha – Bahia. Analisamos triplicatas de 12 amostras (março/2016 a fevereiro/2017). De cada amostra, macerou-se uma alíquota de 1,0 g em 10 ml de solução tampão (extrator), sendo centrifugadas em seguida a 3000 rpm (1844g) por 20 minutos a 30 °C. Com o sobrenadante determinou-se: (i) PST pelo método de Bradford; (ii) AST pelo método de Antrona; (ii) e AR pelo método de DNS, com leitura da absorbância em espectrofotômetro. Determinou-se as concentrações de sacarose (SAC) pela fórmula: $(AST/AR) \times 0,95$. Taxas de PST variaram entre 4.48 a 9.05%, com maiores valores em setembro/2016 e janeiro/2017, e menores valores entre abril e maio de 2016. Quantificou-se 11.80% a 46.88% de AST com maiores taxas de julho a outubro de 2016, e menores taxas em março/2016, abril/2016 e novembro/2016. AR teve menor variação das médias, com taxas de 0.15% em março/2016, setembro/2016 e novembro/2016, chegando a 0.26% em agosto/2016. SAC foi de 5.84% a 9.90 entre abril e junho de 2016, com aumento nas concentrações de julho a novembro de 2016, chegando a 24.63%. As taxas de carboidratos estão de acordo com o estabelecido pela legislação brasileira, enquanto as taxas de proteínas ficaram abaixo dos critérios de qualidade, o que se atribui ao método de quantificação utilizado. Confirmou-se a predominância de açúcares redutores. Observando a necessidade de proteínas e energia na formação do tubo polínico e na fecundação, sugere-se avaliações físico-químicas em pólen floral e sua comparação com o pólen apícola.

Palavras-chave: Apicultura; Carboidratos; Proteínas solúveis.

Agradecimentos: À Rede PINDORAMA/CNPq (#470643/2013-7, #303862/2013-0) pelo suporte financeiro. À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (Fapesb) pela concessão de bolsa de estudo. Esta pesquisa foi realizada com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.



OTIMIZAÇÃO DE CONDIÇÕES DE CULTIVO *IN VITRO* NA INTRODUÇÃO DE GENÓTIPOS EM UM BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI

Bruna Ronchi Hermann^{1,2*}; Valdir Marcos Stefenon²

¹Acadêmica do curso de Agronomia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail: brunaronchi@hotmail.com

²Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina.

O abacaxi é uma das culturas mais importantes da fruticultura brasileira. Devido às diferentes demandas do mercado e dos problemas fitossanitários, a manutenção de bancos de germoplasma e a produção de mudas selecionadas com alto valor agrícola e qualidade fitossanitária tornam-se ponto chave na sua cadeia produtiva. A UFSC mantém um banco de germoplasma de abacaxi que contém genótipos de variedades selecionadas por agricultores e comerciantes. Visando ampliar o banco e desenvolver protocolos semi-automatizados de produção de mudas, este trabalho investigou diferentes condições de cultivo *in vitro* na introdução de novos genótipos neste banco. Infrutescências da variedade pérola selecionadas por comerciantes, baseados em suas características comerciais foram utilizadas para a introdução. Gemas laterais e apicais foram isoladas em ambiente asséptico, devidamente desinfetadas e introduzidas sob três condições: (1) meio semi-sólido e cultivadas diretamente sob luz (fotoperíodo de 16 horas); (2) meio semi-sólido, cultivadas por 7 dias no escuro e transferidas para fotoperíodo de 16 horas; e (3) meio líquido, sob agitação orbital e cultivadas sob fotoperíodo de 16 horas. Todos os experimentos foram implantados em meio MS acrescido de vitaminas, 2 μ M ANA, 4 μ M BAP e 3% sacarose. Semanalmente foram avaliadas a contaminação por fungos/bactérias, oxidação e desenvolvimento de gemas. Após 7 dias, os explantes do experimento 1 apresentaram 1,26% de contaminação e 6,33% de oxidação, enquanto o experimento 2 apresentou 2,5% de contaminação e 17,5% de oxidação. O experimento 3 revelou 44% de contaminação e foi descartado por insuficiência amostral para as próximas avaliações. Após 21 dias, os tratamentos 1 e 2 apresentaram 22,5% dos explantes com desenvolvimento de gemas e dentre os explantes considerados oxidados, somente 2,53% morreram, sugerindo que 3,8% da oxidação era superficial. As taxas de contaminação permaneceram inalteradas. Apesar de existirem protocolos para a micropropagação de abacaxi, o desenvolvimento de novos processos mais simples e semi-automatizados é importante para a implantação de biofábricas, programas de melhoramento genético participativo e conservação de genótipos diversos, mantendo uma base genética ampla. A utilização de meio semi-sólido e cultivo sob fotoperíodo demonstrou-se mais promissora. O uso de biorreatores e espectros luminosos está sendo testado.

Palavras-chave: Biotecnologia; conservação *in vitro*; *Annanas comusus* (L.) Merr.

Agradecimentos: À Basquioto Prod. e Com. de Hortifruti pelo fornecimento dos genótipos e apoio financeiro



RESISTÊNCIA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA AO FUNGO *Colletotrichum truncatum*

Kenne Warley dos Santos Rocha^{1*}; Yasmin Borges Diniz¹; Guilherme Alexandre Luz da Costa¹; Ananda Rosa Beserra Santos¹; Gerusa Rodrigues dos Santos Cavalcante¹; Verônica Brito da Silva¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *kennewarley.rochasantos@outlook.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda espécie de maior importância dentro do gênero *Phaseolus*. Entretanto, sua produtividade é afetada por diversos fatores, como a ocorrência de doenças. Dentre essas doenças, a antracnose, causada pelo *Colletotrichum truncatum* (Schw.), tem se destacado. Com este trabalho, objetivou-se avaliar a resistência de variedades crioulas de feijão-fava à antracnose para recomendação em programas de pré-melhoramento e melhoramento. Foram selecionadas cinco variedades crioulas no Banco de Germoplasma de *Phaseolus* (UFPI 1235, UFPI 1246, UFPI 1266, UFPI 1297 e UFPI 1299). O experimento consistiu em duas etapas: no experimento 1, as cinco variedades crioulas foram cultivadas em dez vasos por genótipo em telado e, aos 40 dias após o plantio, selecionou-se sete plantas para inoculação de três genótipos (excluíram-se duas variedades por problema de germinação). A avaliação foi realizada aos cinco e sete dias após a inoculação (DAI) por três avaliadores, atribuindo notas de 0 a 5 com base na área da folha com sintoma. O experimento 2 foi realizado a nível de campo, para avaliar a ocorrência natural da doença, em uma área com histórico de ocorrência da antracnose nesta cultura. A parcela foi formada por quatro linhas de plantio, espaçadas em 1 metro, com cinco plantas, totalizando vinte plantas, em quatro blocos. Aos 70 dias após a semeadura, foram selecionadas cinco plantas da parcela útil para avaliação, feita por três avaliadores, atribuindo notas de 0 a 5 com base na área das plantas com sintomas. Na avaliação em folhas inoculadas, pelo teste de Tukey, todas as variedades crioulas foram iguais aos cinco e sete DAI, configurando-os como altamente resistentes (AR). As médias das testemunhas, comparadas com as médias das variedades crioulas inoculadas, revelam que, das três, duas diferiram significativamente nas avaliações realizadas aos cinco e sete DAI e, contudo, uma variedade (UFPI 1246) obteve um desempenho igual à sua testemunha. Ao nível de campo, todas as cinco variedades comportaram-se como AR sem diferença significativa entre si no nível de infecção. Portanto, as variedades avaliadas comportaram-se como altamente resistentes ao *C. truncatum*, sendo recomendados o seu cultivo, com potencial para inclusão em programas de pré-melhoramento e melhoramento genético que visem aumentar a resistência a esse fungo e, conseqüentemente, a produtividade da cultura.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L.; antracnose; avaliação.

Agradecimentos: UFPI, CNPq.



EFEITO DA AMBIÊNCIA, RECIPIENTES E SUBSTRATOS NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS DE AÇAÍ, EM PARAGOMINAS-PA

Henry Albert Werner^{1*}; Geandro Alves Sabino Feitosa²; Sebastião Rodrigo do Remédio Souza de Oliveira³; Milena Pereira da Costa Esteves⁴; Vanessa Mayara Souza Pamplona⁵; Alessandra Epifânio Rodrigues⁶; Marcelo Pires Saraiva⁷; Bárbara Rodrigues de Quadros⁸.

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²Universidade Federal Rural da Amazônia.

³Universidade Federal Rural da Amazônia. ⁴Universidade Federal Rural da Amazônia.

⁵Universidade Federal Rural da Amazônia. ⁶Universidade Federal Rural da Amazônia.

⁷Universidade Federal Rural da Amazônia. ⁸Universidade Federal Rural da Amazônia

*henrywerner.hw@gmail.com

O açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) é uma palmeira endêmica da Amazônia, facilmente encontrada em áreas alagadas e ocorre espontaneamente nos estados do Pará, Amapá, Maranhão e leste do Amazonas. É considerada uma cultura de grande interesse socioeconômico para região, principalmente no estado do Pará que é o maior produtor e onde também se concentra o maior mercado consumidor. Do fruto é produzida a polpa que é o principal produto consumido, mas também é utilizado em diversos processos industriais, seja na fabricação de sorvetes, picolés, energéticos ou nas indústrias farmacológicas. As descobertas das propriedades intrínsecas ao açaí fizeram com que o mercado mudasse de direção, partindo do cenário regionalizado para outro de escala mundial. O objetivo desta pesquisa foi avaliar o desenvolvimento de mudas de açaí em dois ambientes: Viveiro telado com sombrite 50% (A1) e viveiro telado com sombrite 70% (A2); dois recipientes: Sacos de polietileno (R1) e tubetes (R2); e dois substratos: Terra preta combinada com esterco de gado curtido na proporção de 1:1 (S1) e terra preta mais casca de arroz também na proporção de 1:1 (S2). O experimento foi desenvolvido no viveiro de produção de mudas da Secretaria Estadual de Desenvolvimento Agropecuário e Pesca (SEDAP), situado no município de Paragominas, Pa. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, em esquema de parcelas subsubdivididas. Todas as sementes germinaram durante os 60 dias. Nas condições desta pesquisa observou-se que o ambiente telado com sombrite 50%, mais sacos de polietileno preenchido com substrato constituído por terra preta e esterco de gado curtido, proporcionaram um melhor desenvolvimento das mudas de açaí.

Palavras-chave: *Euterpe oleracea*; Mudas; Viveiro.

Agradecimentos: Agradecimento à Universidade Federal Rural da Amazônia, pelo fomento e apoio à pesquisa desenvolvida no presente estudo.



QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE SOJA (*Glicyne max* L. Merrill) TRATADAS COM MICRONUTRIENTES

Henry Albert Werner^{1*}; Milena Pereira da Costa Esteves²; Beatriz Martinelli Lima³; Thellys Lorrain Valcácio⁴; Wayla Carolina Pimentel de Castro⁵; Samilly Cristo Soares Barros⁶; Vanessa Mayara Pamplona⁷; Bárbara Rodrigues de Quadros⁸.

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²Universidade Federal Rural da Amazônia.

³Universidade Federal Rural da Amazônia. ⁴Universidade Federal Rural da Amazônia.

⁵Universidade Federal Rural da Amazônia. ⁶Universidade Federal Rural da Amazônia.

⁷Universidade Federal Rural da Amazônia. ⁸Universidade Federal Rural da Amazônia

*henrywerner.hw@gmail.com

A soja (*Glicyne max* L. Merrill) é a cultura que mais têm crescido em termos de produção nos últimos anos, tanto a nível mundial, quanto nacional. No seu sistema de cultivo, a prática do tratamento de sementes têm se destacado por ser uma tecnologia de recobrimento aplicado às sementes com diferentes tipos de substâncias químicas que visam garantir uniformidade na distribuição dos produtos e aumentar o seu potencial fisiológico a fim de superar as características genéticas pré-determinadas de cada organismo. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a qualidade fisiológica (germinação e o vigor) de sementes de soja tratadas com micronutrientes e determinar se os fatores fisiológicos da semente sofrem influência de aplicação nutricional proveniente do meio externo, ou ocorrem apenas por força genética e condições já pré-existent das sementes. O experimento foi desenvolvido sob duas condições, em laboratório (germinador) e em casa de vegetação, ambos no delineamento inteiramente casualizado, com cinco tratamentos e quatro repetições de 50 sementes cada. Os tratamentos foram: T1- sem micronutrientes (controle); T2- aplicação de zinco (0,875g); T3- aplicação de boro (0,062g); T4- aplicação de cobalto (0,012g); T5- aplicação de molibdênio (0,150g). Os tratamentos foram avaliados. Avaliou-se a germinação; primeira contagem; índice de velocidade de emergência; comprimentos de parte aérea, raiz e total das plântulas; e massa fresca e massa seca de plântulas. Concluiu-se que a utilização de micronutrientes no tratamento de sementes não influenciou o processo germinativo das sementes de soja e determinou que essa característica é ocasionada pela genética vegetal pré-determinada por cada organismo individual de cada semente. Por outro lado, a utilização de micro-nutrientes proporcionou maior vigor às plântulas através dos parâmetros peso de matéria fresca e comprimento de parte aérea, o que evidencia que apesar de cada semente já apresentar pré-disposição genética para esses fatores, os mesmos podem ser influenciados pelo tratamento recebido proveniente do meio externo ao organismo vegetal.

Palavras-chave: *Glicyne max*; Nutrição; Genética;

Agradecimentos: Agradecimento à Universidade Federal Rural da Amazônia, pelo fomento e apoio à pesquisa desenvolvida no presente estudo.



FENOLOGIA DE GUABIROBEIRAS EM FLORESTA OMBRÓFILA MISTA

Moeses Andriago Danner^{1*}; Silvia Mara Zanela Almeida²; Luciano Pessoa de Almeida³; Clevison Luiz Giacobbo³; Amanda Pacheco Cardoso Moura¹; Jaçanan Eloisa de Freitas Milani⁴

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), Câmpus Pato Branco. Via do Conhecimento, km 01, Bairro Fraron, 85503-390, Pato Branco, Paraná, Brasil.
*moesesdanner@utfpr.edu.br

²Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC), Câmpus Xanxerê. Rua Dirceu Giordani, 696, Bairro Jardim Tarumã, 89820-000, Xanxerê, Santa Catarina, Brasil.

³Universidade Federal da Fronteira Sul (UFFS), Câmpus Chapecó. SC 484, Km 2, Bairro Fronteira Sul, 89815-899, Chapecó, Santa Catarina, Brasil.

⁴Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), Câmpus Cuiabá. Av. Fernando Correa da Costa, Bairro Boa Esperança, 78060-900, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil.

Os estudos de fenologia visam definir o calendário de modificações sazonais dos eventos de brotação, floração e frutificação e são fundamentais para possibilitar o uso de recursos genéticos florestais, pois auxiliam na definição da época de coleta de frutos/sementes. O objetivo deste estudo foi definir as fenofases vegetativas e reprodutivas da guabirobeira (*Campomanesia xanthocarpa* Mart. O. Berg., Myrtaceae) em três ambientes com histórico de manejo distintos na Floresta Nacional de Chapecó (Floresta Ombrófila Mista). Foram demarcadas três unidades amostrais de 50 x 50 m sob: 1) mata nativa secundária criada a partir de 1984, após plantio frustrado de *Eucalyptus spp.*, 2) mata nativa secundária, na qual houveram desbastes de espécies madeiráveis na década 1950, cessado em 1962, 3) mata nativa primária (sem histórico de desbastes). As parcelas foram alocadas intencionalmente sob áreas com 22 a 25 guabirobeiras adultas e o monitoramento foi realizado em 10 guabirobeiras em cada parcela, durante quatro ciclos. A espécie apresentou padrão sazonal das fenofases, com baixa variação anual. O botão floral inicia simultaneamente à brotação, com pico em setembro e a duração total do botão floral ao fruto maduro é de 90 dias. Na parcela 3, as guabirobeiras tiveram pico de brotação e de todo o ciclo reprodutivo 20 dias após as outras duas unidades. Isto pode ser efeito da mata mais fechada ou ainda da maior altitude (700 m), que gera menores temperaturas, em relação às outras duas unidades, sob 590 m. A maturação dos frutos é desuniforme, com duração de 30 dias em cada guabirobeira e pico em novembro e dezembro. A definição da fenologia da guabirobeira permite subsidiar planos de recomposição, o manejo sustentável da coleta de frutos e estudos de regeneração e diversidade genética da espécie na FLONA.

Palavras-chave: *Campomanesia xanthocarpa*; floração; frutificação.

Agradecimentos: à CAPES e ao CNPq pelas bolsas e fomento. Ao ICMBio pela autorização (Sisbio nº 55877-2) e à equipe da FLONA Chapecó pelo apoio na execução.

Cadastro de Acesso ao Patrimônio Genético: SISGEN nº A450C19



CRESCIMENTO DE MUDAS DE GUABIROBEIRA SOB GRADIENTE DE SOMBREAMENTO

Moeses Andriago Danner^{1*}; Silvia Mara Zanela Almeida²; Luciano Pessoa de Almeida³; Clevison Luiz Giacobbo³; Amanda Pacheco Cardoso Moura¹; Bruna Valéria Gil¹

¹Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), Câmpus Pato Branco. Via do Conhecimento, km 01, Bairro Fraron, 85503-390, Pato Branco, Paraná, Brasil. *E-mail do autor apresentador: moesesdanner@utfpr.edu.br

²Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC), Câmpus Xanxerê. Rua Dirceu Giordani, 696, Bairro Jardim Tarumã, 89820-000, Xanxerê, Santa Catarina, Brasil.

³Universidade Federal da Fronteira Sul (UFFS), Câmpus Chapecó. SC 484, Km 2, Bairro Fronteira Sul, 89815-899, Chapecó, Santa Catarina, Brasil.

A capacidade de adaptação das plantas às mudanças ambientais por meio de modificações morfológicas e fisiológicas denomina-se plasticidade fenotípica. Os estudos destas modificações sob sombreamento são principalmente úteis para o uso de recursos genéticos florestais, uma vez que para produção de mudas em viveiro, cultivos solteiros ou consorciados com outras espécies, o ambiente de luz é modificado, em relação àquele das matas nativas. Neste trabalho o objetivo foi avaliar a tolerância da guabirobeira (*Campomanesia xanthocarpa* Mart. O. Berg., Myrtaceae) a um gradiente de luminosidade/sombreamento. Foram medidas as alterações morfofisiológicas de mudas aos 21 meses após transplântio sob condições de: pleno sol e 30%, 50% e 80% de sombreamento obtido com tela de malha preta (sombrite) fechada por todos os lados, na forma de uma “casa de sombra”. Os resultados demonstraram que as mudas de guabirobeira tiveram elevada plasticidade, pois sob sombreamento aumentaram a área das folhas, o teor de clorofila *a*, reduziram a espessura foliar, aumentaram a taxa de assimilação líquida de CO₂ e o rendimento quântico do fotossistema II, em relação das mudas em pleno sol. Assim, as mudas sob sombreamento compensaram a menor quantidade de luz incidente com maior captação de luz e eficiência fotossintética. Assim, os resultados encontrados neste trabalho permitem inferir que a produção de mudas e plantios de guabirobeira pode ser feita em ambos os ambientes sombreados e ensolarados. Isto porque mesmo as mudas produzidas sob 80% de sombreamento tiveram crescimento e acúmulo de biomassa semelhante às mudas produzidas a pleno sol, devido à ampla plasticidade pelo desenvolvimento de modificações morfológicas e fisiológicas.

Palavras-chave: *Campomanesia xanthocarpa*; tolerância ao sombreamento; plasticidade fenotípica.

Agradecimentos: à CAPES e CNPq pela concessão de bolsas e fomento à pesquisa.

Cadastro de Acesso ao Patrimônio Genético: SISGEN nº A450C19



TUBERIZAÇÃO DE ESTACAS CAULINARES DE INHAME

Crislaine Alves dos Santos^{1*}; Leonardo Guastti Fehlberg¹; Sara Dayan da Silva Oliveira¹; Itamara Bomfim Gois¹; Maria de Fátima Arrigoni-Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe – Campus São Cristóvão. *cris.al.sa@hotmail.com.

O inhame (*Dioscorea* sp.) é uma hortaliza tuberosa pertencente à família Dioscoreaceae e ao gênero *Dioscorea* que apresenta suma importância socioeconômica para a região Nordeste. A produtividade da cultura é considerada baixa devido à dificuldade de obtenção de material propagativo de qualidade e ao seu alto custo de aquisição. A técnica de estaquia se apresenta como uma nova alternativa para a propagação vegetativa do inhame. Desta forma, o presente estudo teve como objetivo avaliar a produção de minitúberas de inhame por meio de estacas obtidas em diferentes posições da rama e cultivadas em diferentes substratos. O experimento foi implantado em delineamento de blocos casualizados, em esquema fatorial 3x3, sendo três posições da rama (Apical, Mediana e Basal) e três substratos (Tropstrato florestal (TF), Tropstrato hortaliza (TH) e a mistura TF:TH (1:1)). As variáveis estacas que formaram duas minitúberas (%), diâmetro, comprimento e massa fresca de minitúberas foram avaliadas. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e comparados pelo teste de Tukey. A estaca Mediana apresentou maior diâmetro e massa fresca de minitúberas, com média de 12,63 mm e 2,12 g, respectivamente. A interação entre os fatores posição da rama e substrato foi significativa para as variáveis comprimento de minitúbera e estacas que formaram duas minitúberas, sendo que a estaca mediana apresentou resultados superiores as demais quando cultivada no substrato Tropstrato florestal, com média de 17,47 mm para o comprimento de minitúbera e formação de duas minitúberas em 75% das estacas. A vantagem da produção de duas minitúberas por estaca está relacionada ao aumento do número total de propágulos produzidos. A produção de minitúberas de inhame por meio de estacas caulinares é um método promissor de propagação para ser adotado em cultivos comerciais. Esta produção pode ser viabilizada utilizando estacas obtidas da parte mediana da rama, visto que essas produziram minitúberas com maior massa fresca.

Palavras-chave: *Dioscorea* sp; estaquia; substrato.

Agradecimentos: CAPES e UFS.



USO DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS NA CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE

Darllan Junior Luiz Santos Ferreira de Oliveira^{1*}; Maria Eduarda Facioli
Otoboni²; Bruno Ettore Pavan²; Pablo Forlan Vargas³

¹UNESP/FCAV. ²UNESP/FEIS. ³UNESP/CERAT. *E-mail do autor apresentador: darllan.oliveira@unesp.br.

A disponibilidade de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas regionais depende da caracterização, identificação e seleção de genótipos com potencial para o cultivo e melhoramento, visando o aumento do rendimento e da qualidade da cultura. Deste modo objetivou-se caracterizar genótipos de batata-doce Biofortificada pertencentes ao BAG da Unesp. O trabalho foi realizado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia - UNESP, *Campus* de Ilha Solteira, situada no município de Selvíria/MS. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 200 tratamentos (genótipos) + Testemunha 'Beauregard' e duas repetições. Foram avaliadas características morfológicas de parte aérea dos genótipos aos 110 dias após plantio e de raiz aos 127 dias após plantio. As caracterizações referentes aos atributos de parte aérea foram obtidas da parte central das ramas, utilizando-se três folhas por planta e uma planta por parcela. Para a caracterização das raízes, foram selecionadas duas raízes, as que representavam toda a parcela, em relação ao tamanho, formato e massa. A caracterização morfológica foi realizada seguindo metodologia descrita por Huamán. Foram avaliadas 181 classes morfológicas, distribuídas em 24 descritores morfológicos de raiz e parte aérea. Com os dados das características morfológicas mensuradas, realizou-se análise descritiva em percentual das classes fenotípicas em cada descritor. Foi observada a expressão das classes: formato da raiz longo anatômico e contorno ovate, foram verificados em 19% dos genótipos; defeito na raiz verificou-se que 48% dos genótipos houve contração horizontal superficial; espessura do córtex verificou-se, que 38% dos genótipos tiveram espessura muito grossa (>4 mm); cor predominante da casca foi rosada em 33% dos genótipos; intensidade da cor da casca observou-se a intensidade pálida com maior frequência (57,5%); descritor cor secundária da casca verificou-se 29% para ausente e creme; cor predominante em 32% dos genótipos verificou-se alaranjado intermediário; cor secundária da polpa foi ausente em 72,5% dos genótipos. Os genótipos avaliados apresentam grande variabilidade genética.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*. Melhoramento Genético. Morfo-agronômica.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de "Financiamento 001", pela concessão de bolsa ao primeiro autor. À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, Proc. n. 2017/08032-0, pelo auxílio financeiro. Ao *International Potato Center* pelo apoio ao projeto.



DETERMINAÇÃO DE COMPOSTOS FENÓLICOS TOTAIS EM PLANTAS DE ALGODÃO SUBMETIDAS AO ATAQUE DE *Spodoptera cosmioides* W.

Gabriella Magarelli^{1*}; Juliana K. S. Dutra²; Rafaela. G. da Silva³; Bruna M. D. Tripode⁴; Lúcia. V. Hoffmann⁵ e Clarissa S. P. de Castro⁶

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ²Universidade de Brasília, ³Universidade Federal de Goiás. ⁴Embrapa Algodão. ⁵Embrapa Arroz e Feijão. Embrapa Sede. *gabriella.magarelli@embrapa.br

Os compostos fenólicos são metabólitos secundários em plantas que estão envolvidos na sua defesa bioquímica contra a herbivoria. O conhecimento da quantidade de compostos fenólicos constitutivos e induzidos em plantas de algodão após o ataque de pragas pode ser utilizado para a seleção de variedades de algodão mais resistentes. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo determinar a concentração de compostos fenólicos totais em plantas de algodão, submetidas e não submetidas ao ataque da lagarta *Spodoptera cosmioides* W. (Lepidoptera: Noctuidae), utilizando a Voltametria como método analítico. Foram analisadas 20 plantas de algodão das espécies *Gossypium hirsutum* (AMZ 14 12) (n = 10) e *Gossypium barbadense* (BRS 372) (n = 10), cultivadas em casa de vegetação na Embrapa Arroz e Feijão (Goiânia-GO), que após 60 dias do plantio, foram infestadas com lagartas, sendo que as folhas foram coletadas para análise após 1 dia (F1) e após 3 dias (F2) de infestação. As folhas de algodão foram preparadas por extração metanoica (50%) de 0,1 g das folhas liofilizadas e colocadas em ultrassom por 20 min. As análises dos extratos foram realizadas utilizando um analisador voltamétrico (Autolab/PGSTAT128N - Metrohm), acoplado a uma célula eletroquímica composta pelos eletrodos: carbono vítreo ($\Phi = 2,0$ mm) (trabalho); Ag/AgCl (KCl 3 mol L⁻¹) (referência) e platina (auxiliar). Em tampão fosfato pH 3,0, todas as amostras apresentaram um perfil voltamétrico semelhante, com um pico de corrente de oxidação mais intenso no potencial de 0,5 V, associado à oxidação de grupos hidroxilas dos compostos fenólicos. A determinação da concentração dos compostos fenólicos totais foi realizada utilizando o ácido 3,4 dihidroxibenzoico como padrão de quantificação. A variedade BRS 372 apresentou uma média de concentração de compostos fenólicos totais constitutivos (sem presença de lagarta) estatisticamente maior ($2,25 \pm 0,34$ mg g⁻¹) que a AMZ 14 12 ($1,16 \pm 0,51$ mg g⁻¹). Para nenhuma variedade estudada houve diferença estatística entre as médias de fenólicos totais nas plantas expostas ao ataque por 1 dia (F1) em relação às não atacadas. Para a variedade BRS 372, houve diferença estatística entre as médias de fenólicos totais nas plantas expostas ao ataque por 3 dias (F2) em relação às não atacadas. Os resultados mostraram que a técnica voltamétrica foi eficiente para a determinação dos compostos fenólicos nas plantas de algodão. Os resultados sugeriram características mais promissoras para a variedade BRS 372, devido ao seu maior teor constitutivo de compostos fenólicos e resposta aparente de defesa após alguns dias de infestação. Para melhor entendimento e confirmação destes resultados, parâmetros fisiológicos das plantas e dos insetos ao longo do ciclo estudado deverão ser considerados, além da análise de um maior número de plantas.

Palavras-chave: compostos fenólicos, algodão, Voltametria

Agradecimentos: à Embrapa e UnB.



NÚMERO DE REPETIÇÕES EM ENSAIOS COM GENÓTIPOS DE MELÃO DO GRUPO CANTALUPENSIS

Bernardo Bezerra de Araújo Junior^{1*}; Glauber Henrique de Sousa Nunes²;
Stefeson Bezerra de Melo²; Adriano Ferreira Martins²; Roberta Rocha Ferreira²

¹Instituto Federal do Rio Grande do Norte. ²Universidade Federal Rural do Semi-Árido.

³Instituição. *E-mail do autor apresentador: bernardo.bezerra@ifrn.edu.br.

No planejamento dos experimentos, a determinação do número de repetições dos tratamentos testados constitui tarefa importante para os pesquisadores, pois está diretamente relacionado à precisão dos resultados obtidos. Com isso, foi realizado este estudo com o objetivo de determinar o número de medições (repetições) necessário para avaliar os caracteres de produtividade e sólidos solúveis em híbridos de melão do grupo botânico cantalupensis. O estudo foi composto por 21 experimentos, sendo 9 avaliando 8 híbridos do tipo Cantaloupe, e 12 experimentos avaliando 9 híbridos do tipo Gália, conduzidos no delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições. Os ensaios foram conduzidos entre os anos de 2015 e 2017, em municípios do Agropolo Mossoró-Assú. Para cada experimento, realizou-se a análise de variância com nível nominal de significância $\alpha = 0,05$, utilizando o modelo estatístico $y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência. A partir da análise de variância foram estimados os coeficientes de repetibilidade (r) e de determinação genotípico (R^2) para cada experimento. O valor médio de r para os ensaios com melão cantaloupe foi de 0,6300 para produtividade e de 0,5814 para sólidos solúveis, e a estimativa do R^2 , a partir do valor médio de r , variou entre 0,8363 (produtividade) e 0,8065 (sólidos solúveis), indicando que três repetições possibilitaram detectar diferenças genotípicas com 83,63% e 80,65% de certeza na predição do valor real do genótipo para produtividade e sólidos solúveis, respectivamente. Para os ensaios com melão tipo Gália obteve-se valores médios de r de 0,6742 para produtividade, e 0,9578 para sólidos solúveis. A estimativa do R^2 a partir dos valores médios de r foi de 0,8613 e 0,9855, para produtividade e sólidos solúveis, respectivamente. A utilização de três repetições permitiu detectar diferenças genotípicas com 86,13% e 98,55% de certeza na predição do valor real do genótipo para produtividade e sólidos solúveis, respectivamente. Portanto, o uso de 3 repetições foi suficiente para detectar genótipos superiores com mais de 80% de certeza sobre seu valor real, para melões do tipo Cantaloupe e Gália, tanto para produtividade, quanto para o teor de sólidos solúveis.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L.; Repetibilidade; Planejamento experimental.

Agradecimentos: Ao IFRN e a UFERSA.



CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA ENTRE ACESSOS DE *Macroptilium lathyroides* (L.) Urb. COLETADOS NA REGIÃO DO SUBMÉDIO DO VALE DO RIO SÃO FRANCISCO

Rodrigo Oliveira Borges^{1*}; Wasline Terllizzie Rocha Lopes Borges¹; Timóteo Silva dos Santos Nunes²; Bruno Augusto de Souza Almeida¹; Pedro Alves Ferreira Filho¹; Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva^{1,3}

¹Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). * roborges89@gmail.com

²Universidade Federal do Vale do São Francisco.

³Departamento de Ciências Exatas e Naturais, UESB.

As leguminosas forrageiras são importantes componentes para a sustentabilidade da produção de forragem, visto que possibilitam a fixação de nitrogênio atmosférico e contribuem para a ciclagem de nutrientes nas pastagens. Nesse contexto, caracterizações de leguminosas como o *Macroptilium lathyroides* (L.) Urb. que ocorrem naturalmente na região do submédio do São Francisco, se adaptam a diferentes condições edafoclimáticas e, apresentam alta capacidade de associação com bactérias diazotróficas, potencializam a prospecção e efetivo uso destes recursos genéticos em ações de (pré)melhoramento de leguminosas forrageiras. Neste trabalho o objetivo foi caracterizar 15 descritores quantitativos relacionados a características morfoagronômicas em acessos de *M. lathyroides* (L.) Urb.. Para tanto foram coletados 26 acessos da referida espécie nos municípios de Juazeiro-BA e Petrolina-PE (submédio do vale do rio São Francisco). Adotou-se para o experimento o delineamento inteiramente casualizado com os acessos em triplicatas (repetições). As mudas foram geradas em bandejas de polipropileno contendo substrato para hortaliças e após vinte dias da semeadura foram transplantadas e cultivadas por 104 dias em parcelas contendo cinco linhas com espaçamento entre si de 0,3 m e espaçamento entre plantas de 0,2 m. Ao final do cultivo colheu-se as plantas de uma área útil de 0,24 m². Os dados observados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de significância. Dos 15 descritores, a produção de matéria seca: do caule, da folha e da parte aérea, produção de sementes, comprimento do ramo principal e do ramo secundário apresentaram diferença significativa ($p < 0,05$; Scott-Knott). Por sua vez, os descritores comprimento e largura da folha, comprimento e largura do folíolo, diâmetro do ramo principal e secundários não apresentaram diferença significativa ($p > 0,05$; Scott-Knott). Cinco acessos apresentaram maior produção de matéria seca nas três frações analisadas, o que possibilita caracterizá-los como promissores para produção de forragem e potencialmente úteis em programas de (pré)melhoramento. A caracterização morfoagronômica contribuiu para a identificação de recursos genéticos a ser priorizado, sobretudo, na perspectiva de ações de melhoramento no contexto regional em que já se encontram inseridos os acessos.

Palavras-chave: leguminosa; pré-melhoramento; recurso forrageiro



ESTATÍSTICAS DE PRECISÃO PARA AVALIAÇÃO DE PRODUTIVIDADE EM ENSAIOS COM GENÓTIPOS DE MELÃO

Bernardo Bezerra de Araújo Junior^{1*}; Glauber Henrique de Sousa Nunes²; Stefeson Bezerra de Melo²; Francisco Leandro Costa Loureiro²; Ana Cyntia da Silva Rocha²

¹Instituto Federal do Rio Grande do Norte. ²Universidade Federal Rural do Semi-Árido.

*E-mail do autor apresentador: bernardo.bezerra@ifrn.edu.br.

A qualidade dos ensaios de campo tem sido usualmente avaliada pela magnitude do erro experimental, medida pelo coeficiente de variação, porém essa classificação tem se mostrado muito abrangente e não considera a natureza do ensaio quanto à cultura estudada e quanto à variável utilizada, o que dificulta a avaliação. Em virtude disso, tem sido propostas outras estatísticas para avaliação da precisão experimental, como exemplo a acurácia seletiva e o valor do teste F para o genótipo. Com isso, este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a adequabilidade dessas estatísticas como medidas de precisão experimental, para avaliação de produtividade em experimentos com genótipos de melão. Foram usados dados de produtividade de 50 ensaios, totalizando a avaliação de 48 híbridos de melão. Os ensaios foram conduzidos no estado do Rio Grande do Norte, entre os anos de 2015 e 2017, utilizando delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições. Foi realizada a análise de variância para cada ensaio e estimados os valores das variáveis explicativas quadrado médio do genótipo (QMG), quadrado médio do erro (QME) e média (m), e das variáveis principais, candidatas a medidas de precisão, coeficiente de variação (CV), diferença mínima significativa pelo teste Tukey a 5% de probabilidade em percentagem da média (DMS), valor do teste F para genótipo (FG) e acurácia seletiva (AS). Foi estudada a relação entre as estatísticas e, com base nelas, realizadas as análises de correlação e de trilha. Experimentos com menores escores de CV e DMS (mais precisos) estiveram associados a menores variâncias residuais e foram independentes da média de produtividade e da variabilidade genética do grupo de genótipos de melões avaliados. Portanto, a avaliação da qualidade de experimentos de competição de cultivares de melão, para produtividade, com base apenas nessas estatísticas mostrou-se inadequada, haja vista não se considerar o nível da variação genotípica expressa no caráter. Com relação às estatísticas FG e AS, ensaios mais precisos para produtividade de melão (maiores escores) estão associados a maiores variâncias genéticas e menores variâncias residuais, e independem da média. Essas características confirmam a adequabilidade dessas estatísticas como medidas de precisão experimental para esta cultura.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L.; Precisão experimental; Acurácia seletiva.

Agradecimentos: Ao IFRN e à UFERSA.



MORFOANATOMIA FOLIAR DE *Tillandsia* L. (Bromeliaceae) OCORRENTES NA BAHIA, BRASIL

Rafaelle Souza de Oliveira¹; Sandra de Oliveira Souza¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza²; Lidyanne Yuriko Saleme Aona¹; Mônica Lanzoni Rossi³; Everton Hilo de Souza¹

¹ Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ² Embrapa Mandioca e Fruticultura. ³ Centro de Energia Nuclear na Agricultura da Universidade de São Paulo.

Estudos morfoanatômicos foliares fornecem caracteres de grande importância para análises filogenéticas, taxonômicas e ecológicas para diversas espécies. *Tillandsia* L. é o gênero mais representativo de Bromeliaceae, englobando 751 espécies em sete subgêneros. O objetivo do trabalho foi caracterizar morfoanatômicamente folhas de 25 espécies de *Tillandsia* ocorrentes na Bahia, visando fornecer caracteres úteis para delimitar subgêneros e indicar respostas ao ambiente. A morfologia das folhas foi realizada por microscopia eletrônica de varredura e anatomia por microscopia de luz e as espécies foram comparadas por uma análise de similaridade (método UPGMA com algoritmo de Gower) a partir dos dados quantitativos e qualitativos. As espécies possuem folhas rosulatas, divididas em limbo e bainha foliar, com comprimentos e larguras variadas. Todas as espécies apresentaram epiderme uniestratificada com formato retangular e espessura variável com cutícula espessa ou delgada. O formato do limbo foliar variou de levemente curvado, curvo, plano-convexo e côncavo-convexo com ápice aculeado. Os tricomas escamiforme foram observados em todas as espécies, apresentando variações na densidade e no comprimento da asa e disco central. Os estômatos estão distribuídos longitudinalmente em uma ou em ambas as faces. Dezoito espécies possuem folhas hipoestomáticas, enquanto as outras sete são anfiestomáticas, sendo esta uma característica ocorrente nos subgêneros *Diaphoranthema* e *Phytarrhiza*. O mesofilo é dorsiventral e apresenta dois tipos de parênquimas, aquífero e clorofiliano. Os feixes vasculares são colaterais e parcialmente envolvidos por fibras, exceto em *T. linearis*. A partir da análise de similaridade, foi possível a formação de cinco grupos. O grupo G1 foi formado por *T. linearis* divergindo das demais espécies do subgênero *Phytarrhiza*, apresentando feixes vasculares totalmente envolvidos por fibras pericíclicas. O grupo G2 foi formado pelas demais espécies do subgênero *Phytarrhiza*. O G3 apresentou as quatro espécies do subgênero *Diaphoranthema*. O G4 foi formado pelas cinco espécies do subgênero *Tillandsia*, mostrando alta similaridade entre *T. heubergeri* e *T. sprengeliana*, e entre *T. chapeuensis* e *T. gardneri*. O grupo G5 agrupou 12 espécies do subgênero *Anoplophytum* apresentando maior variabilidade quando comparadas aos demais subgêneros. Os dados quantitativos foram os responsáveis pelo agrupamento desse último subgrupo, uma vez que apenas o caráter envolvimento parcial dos feixes vasculares por fibras foi homogêneo entre as espécies. Com base nos resultados aqui apresentados, os caracteres morfoanatômicos podem ser usados para caracterizar e agrupar as espécies de *Tillandsia*, além de confirmar a adaptabilidade dessas espécies aos diferentes ambientes, principalmente em ambientes xéricos.

Palavras-chave: Bromélias; Poales; Taxonomia.

Agradecimentos: UFRB, FAPESB, CAPES/PROCAD, CAPES/PNPD, CNPQ, CNPMF, CENA/USP, NAP-MEPA, ESALQ/USP.



GERMINACIÓN Y CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS DE SEMILLA BOTÁNICA DE PAPAS SILVESTRES (*Solanum* spp.)

GERMINATION AND MORPHOMETRIC CHARACTERISTICS OF BOTANICAL SEED OF WILD POTATOES (*Solanum* spp.)

Karen Adriana Cunguán Haro¹; Doris Chalampunte-Flores^{*1}; Álvaro Monteros-Altamirano²

¹Universidad Técnica del Norte-Ecuador; ²Instituto Nacional de investigaciones Agropecuarias-Ecuador; kacunguanh@utn.edu.ec; *dschalampunte@utn.edu.ec; alvaro.monteros@iniap.gob.ec

Las especies silvestres emparentadas a los cultivos representan una fuente importante de genes que pueden contribuir a la seguridad alimentaria actual y futura. La morfometría en semillas describe la variabilidad de forma, tamaño, color y peso, lo que contribuye al conocimiento de la diversidad existente de cada especie, además, de influir en la capacidad germinativa de la semilla. El objetivo del estudio fue evaluar el efecto de tres temperaturas y conocer las características morfométricas que influyen en la germinación de las semillas botánicas de seis especies de papa silvestre (*Solanum* spp.) conservadas en el Banco de Germoplasma del INIAP. Se evaluaron 12 accesiones, dentro de las cuales se tomaron datos relacionados con la forma, color, peso (g), ancho (μm), largo (μm) y área (μm^2); y, se realizaron pruebas de germinación a temperaturas de 5°, 15° y 25°C. Los resultados determinaron que el 100% de las semillas presentaron forma reniforme-ovada. Se identificaron tres colores, siendo el más dominante el color marrón-amarillento con un 66%, seguido de los colores marrón-grisáceo (17%), marrón claro (17%). Respecto al tamaño *S. albicans* O. y *S. albornozii* C. presentaron semillas grandes con promedio de 1394.82 μm de ancho y 1901.13 μm de largo, mientras que en *S. minutifolium* C. y *S. chomatophilum* B., se registró un promedio de 1257.57 μm de ancho y 1583.2 μm de largo por lo que se les consideró como semillas pequeñas. En cuanto al peso de 100 semillas, los datos registrados oscilaron entre 0.0389 y 0.0441 g, siendo las de mayor peso *S. minutifolium* C. y *S. albicans* O. y con menor peso *S. andreanum* B. y *S. albornozii* C. con valores entre 0.0309 y 0.0356 g. La temperatura óptima para la germinación fue de 15°C mientras que, las temperaturas de 5 y 25°C provocaron dormancia de la semilla. Las semillas pequeñas de *S. chomatophilum* B. presentaron 100% de germinación y las semillas grandes como *S. albicans* O. un 66%; a las de mayor peso como *S. minutifolium* C. presentaron un 66% y las de menor peso de *S. albornozii* C. un 80% de germinación. En términos de temperatura óptima para germinación las especies silvestres se comportan de manera similar a las semillas sexuales (TPS) de las cultivadas, pero de manera diferente cuando nos referimos al tamaño. El entender los procesos de germinación de semillas en especies silvestres, contribuye al mejor manejo de la conservación *ex situ* en bancos de germoplasma.

Palabras clave: diversidad agrícola, germinación, conservación *ex situ*.

ABSTRACT

Wild crop relatives of crop species represent an important source of genes that can contribute to current and future food security. The morphometry in seeds describes the variability of shape, size, color and weight, which contributes to the knowledge of the existing diversity of species, in addition to influencing the germinative capacity of the



seed. The objective of the study was to evaluate the effect of three temperatures and to know the morphometric characteristics that influence the germination of the botanical seeds of six wild potato species (*Solanum* spp.) conserved at INIAP's Gene Bank. Twelve accessions were characterized by evaluating data related to shape, color, weight (g), width (μm), length (μm) and area (μm^2) and also gemination tests were carried out at temperatures of 5°, 15° and 25°C. The results determined that 100% of the seeds had a reniform-ovate shape, in addition, 17% of the seeds had a greyish-brown color, 17% light brown and 66% yellowish-brown. Regarding size, *S. albicans* O. and *S. albornozii* C. presented large seeds with an average of 1394.82 μm wide and 1901.13 μm long, while *S. minutifolium* C. and *S. chomatophilum* presented the smallest seeds with an average of 1257.57 μm wide and 1583.2 μm long. The weight of 100 seeds ranged between 0.0389 and 0.0441 g, with the highest weight of *S. minutifolium* C. and *S. albicans* O. and the lowest weight *S. andreanum* B. and *S. albornozii* C. with values between 0.0309 and 0.0356 g. The optimum temperature for germination was 15°C while temperatures of 5 and 25°C caused seed dormancy. The small seeds of *S. chomatophilum* B. presented 100% germination and the large ones such as *S. albicans* O. 66%, those of greater weight such as *S. minutifolium* C. presented 66% and those of less weight of *S. albornozii* C. 80% germination. In terms of optimum temperature for germination these wild species behave similarly than TPS (true potato seeds) of the cultivated potatoes however behave differently related to size. Understanding the processes of seed germination in wild species contributes to better management of *ex situ* conservation in germplasm banks.

Keywords: agricultural diversity, germination, *ex situ* conservation.



EXPRESSÃO GÊNICA DE PROTEÍNAS LEA E sHSP EM SEMENTES DE *Erythrina velutina* SOB CONDICIONAMENTO OSMÓTICO

Juliana Lopes Souza^{1*}; Maria Fernanda Oliveira Torres¹; Valdinete Vieira Nunes¹; Crislaine Costa Calazans¹; Itamara Bomfim Gois¹; Julia Kehr²; Renata Silva-Mann¹

¹Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe. ²Institute of Plant Science and Microbiology, Universität Hamburg. *juliana_lopes_souza@live.com.

Erythrina velutina Willd. é uma espécie brasileira nativa com tolerância ao déficit hídrico, em parte, devido as suas sementes ortodoxas. Essas sementes possuem mecanismos de resistência ao estresse como a síntese de proteínas LEA e sHSP para a preservação da capacidade germinativa, influenciando a longevidade e o vigor. Para o estímulo da tolerância pode ser usado o condicionamento osmótico, ativando-se a ação de genes para a síntese de proteínas que agem na proteção de membranas, outras proteínas e ácidos nucleicos, sem que ocorra a protrusão radicular. O objetivo deste trabalho foi avaliar a expressão gênica em sementes de *E. velutina* submetidas ao condicionamento osmótico usando-se RT-qPCR. Sementes coletadas em Pernambuco em 2008 (lote 1), Bahia em 2016 (lote 2) e Sergipe em 2018 (lote 3) foram avaliadas pela germinação e vigor (germinação, emissão de radícula, sementes deterioradas, sementes duras e tamanho e massa seca do epicótilo e hipocótilo). Amostras de sementes dos três lotes foram submetidas à restrição hídrica em quatro potenciais (0; -0,4; -0,8 e -1,2 MPa), obteve-se a curva de embebição em água e curva de restrição hídrica e avaliou-se o incremento em peso das sementes com a absorção de água e o início das atividades metabólicas até a protrusão da radícula. As curvas de restrição e a germinação das sementes sob os diferentes potenciais osmóticos permitiu a determinação do potencial para o condicionamento osmótico. As sementes foram osmocondicionadas e os embriões extraídos para análise da expressão gênica por RT-qPCR. Houve diferença entre os resultados de germinação e vigor entre os três lotes, sendo o lote 3 o mais vigoroso. E os dois lotes com maior tempo de armazenamento responderam positivamente ao condicionamento osmótico, apresentando incremento significativo na emissão de radícula em 11% para lote 1 e 13% para o lote 2. Houve diferença em expressão gênica entre os lotes para os genes *Em6* (LEA grupo 1) e *sHSP 18.2*. Os genes *Em6* e *sHSP18.2* são expressos em sementes de *E. velutina* com alto e intermediário vigor após o osmocondicionamento.

Palavras-chave: RT-qPCR; mulungu; restrição hídrica.

Agradecimentos: à Universidade Federal de Sergipe e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).



APLICAÇÃO DE MARCADORES SSRs NA DETECÇÃO DE SINONÍMIAS E ERROS DE IDENTIFICAÇÃO NO GERMOPLASMA DE VIDEIRA DO INSTITUTO AGRONÔMICO

Geovani Luciano de Oliveira^{1*}; Cinthia Souza Rodrigues²; Fernanda Ancelmo de Oliveira¹; Anete Pereira de Souza¹; Livia Moura de Souza¹, Mara Fernandes Moura²

¹Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP). ²Instituto Agronômico de Campinas (IAC). *E-mail do autor apresentador: geovani.l.o@hotmail.com.

A gestão de bancos de germoplasma torna-se complexa quando muitos acessos estão envolvidos. Existem muitos sinônimos e homônimos para cultivares, além de erros de identificação que podem ocorrer durante a introdução e propagação do material vegetal. O uso de marcadores moleculares tem se tornado uma estratégia eficaz para uma identificação rápida e precisa de cultivares devido ao alto conteúdo de informações detectado diretamente no nível do DNA sem influência ambiental. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi identificar a ocorrência de sinonímias, homonímias e erros de identificação no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Videira do Instituto Agronômico por meio da caracterização dos acessos com marcadores microssatélites (SSRs). O DNA genômico de 410 acessos foi extraído utilizando-se o protocolo CTAB modificado (Doyle, 1991). A genotipagem dos acessos foi realizada por meio do sequenciador automático ABI 3500 com a utilização de 17 marcadores SSRs. A relação genética dos acessos foi estimada por meio da distância genética de Rogers, e os acessos foram agrupados pelo método *neighbor-joining*. Para detectar possíveis erros de identificação, os perfis moleculares dos acessos foram comparados com bancos de dados de referência internacionais. Foram encontrados um total de 42 casos de erros de identificação com base na comparação dos perfis moleculares obtidos com a informação disponível na literatura e banco de dados. Além disso, a análise baseada nas distâncias genéticas revelou 31 grupos de acessos sinônimos. Entre eles, 4 grupos de sinonímias foram identificados como clones de uma mesma cultivar que apresentam diferenças fenotípicas devido à ocorrência de mutações somáticas. Apesar dessas diferenças evidentes, elas não foram detectáveis por um baixo número de marcadores microssatélites, por estes provavelmente estarem localizados em regiões não codificadoras do genoma. Os resultados deste trabalho ajudarão na racionalização e melhor gerenciamento do germoplasma, permitindo a redução de custos de manutenção sem o risco de perder recursos genéticos valiosos. Além disso, tais resultados também auxiliarão o programa de melhoramento genético, uma vez que genótipos idênticos não serão escolhidos para experimentos de campo ou cruzamentos controlados. No entanto, observações ampelográficas deverão ser integradas aos dados moleculares, principalmente para a identificação de mutações somáticas.

Palavras-chave: *Vitis* spp.; recursos genéticos; microssatélites.

Agradecimentos: FAPESP e CAPES.



CONFIRMAÇÃO DE PLOIDIA DE GENÓTIPOS DE *Erythrina velutina* WILLD.

Juliana Lopes Souza^{1*}; Valdinete Vieira Nunes¹; Crislaine Costa Calazans¹; Maria Fernanda Oliveira Torres¹; Vânia Helena Techio²; Renata Silva-Mann¹

¹Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe. ²Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras. *juliana_lopes_souza@live.com.

A poliploidia possui importante função na sobrevivência das plantas às modificações climáticas, agindo na especiação e divergência evolutiva de angiospermas durante o tempo. Espécies poliploides podem apresentar maior atividade gênica, diversidade enzimática, acúmulo de biomassa e resistência a estresses bióticos e abióticos. E, para a avaliação da ploidia, a contagem de cromossomos de células radiculares meristemáticas é considerada um método bastante preciso. A espécie brasileira *Erythrina velutina* Willd. é uma planta medicinal com alta capacidade de adaptação a diferentes condições climáticas. Portanto, objetivou-se observar o número de cromossomos de tecido meristemático radicular em *Erythrina velutina* Willd para a confirmação de ploidia. Foram utilizados dois lotes de sementes de *E. velutina* coletadas em região de Caatinga nos estados de Pernambuco e Sergipe. As sementes foram germinadas em câmara do tipo BOD à 25°C até o início da protrusão radicular. Após a germinação, as pontas de raízes com 1cm de tamanho foram coletadas e pré-tratadas com 8-hidroxiquinoleína 2µM por 6h. O material foi armazenado em solução de carnoy por 12 h à 4°C. As lâminas foram montadas pelo método do esmagamento, utilizando-se material hidrolisado em HCl 1N à 60°C por 12 minutos e coradas com orceína acética 2%. As células que apresentaram boa disposição dos cromossomos foram fotografadas e os cromossomos contados. Por meio da observação das células somáticas de pontas de radícula em microscópio, a espécie apresenta $2n = 42$ cromossomos. Entretanto, houve a presença de células $2n = 21$. A variação no número de cromossomos pode estar relacionada às características intrínsecas ou fatores externos. Considerando-se que a poliploidia representa uma expressão gênica diferencial, seja pela interação entre os genes ou o aumento da expressão pelo genoma multiplicado, alterações bioquímicas e fisiológicas podem ocorrer. A identificação de células com conteúdo variante indica a necessidade de uma investigação da ploidia para a espécie associando-se à determinação do conteúdo de DNA por citometria de fluxo.

Palavras-chave: mulungu; cariótipo; cromossomos.

Agradecimentos: à Universidade Federal de Sergipe, à Universidade Federal de Lavras e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) (AUXPE 1785/2014).



RESPOSTAS DE CULTIVARES DE FEIJÃO-CAUPI SOB DIFERENTES FONTES DE NITROGÊNIO

Ester dos Santos Coêlho¹; Alex Lima Monteiro¹; Pedro Ramon Holanda de Oliveira¹; Manoel Galdino dos Santos¹; Flávio Pereira da Mota Silveira¹; Silvana Fraga da Silva¹; Aurélio Paes Barros Junior¹; Lindomar Maria da Silveira¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA)

*E-mail do autor apresentador: estersantos12@hotmail.com

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) é uma cultura de importância econômica, nutricional e sociocultural. Essa leguminosa apresenta capacidade de fixar o nitrogênio atmosférico por meio da associação simbiótica com bactérias. Visando a indicação de cultivares de feijão-caupi que proporcionem uma boa produtividade e redução dos custos com fertilizantes, o objetivo do trabalho foi analisar a resposta de cultivares do feijão-caupi sob diferentes fontes de nitrogênio (N). Os experimentos foram conduzidos em campo, em duas safras agrícolas, na fazenda experimental Rafael Fernandes, localizada no distrito de Alagoinha, Mossoró-RN. A primeira safra foi conduzida de janeiro a abril de 2019, e a segunda, de junho a agosto do mesmo ano. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, em esquema fatorial 4x4, com quatro repetições. Os tratamentos foram compostos por quatro cultivares de feijão-caupi (BRS Imponente, BRS Itaim, BRS Novaera e BRS Tumucumaque) e quatro fontes de N, sendo duas estirpes de bactérias do gênero *Bradyrhizobium*: BR 3267 (SEMIA 6462) e BR 3262 (SEMIA 6464), e duas testemunhas, uma com fornecimento de N mineral (ureia) na dose de 50 Kg N ha⁻¹, e outra sem aplicação de N. Aos 40 dias após a semeadura foram coletadas oito plantas aleatórias da área útil de cada parcela, e levadas para laboratório para avaliação das características de nodulação: número de nódulos, matéria seca dos nódulos, matéria seca da parte aérea e eficiência relativa. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey (p≤0,05). Observou-se o maior número de nódulos nas cultivares BRS Tumucumaque e BRS Itaim com 28,82 e 25,00 nódulos planta⁻¹ respectivamente, sendo o inoculante BR 3262 responsável por proporcionar a formação do maior número de nódulos com 28,90 nódulos planta⁻¹. Para matéria seca dos nódulos destacou-se a cultivar BRS Itaim com 195,96 mg planta⁻¹ promovido pelo inoculante BR 3262. A matéria seca da parte aérea foi superior na cultivar BRS Tumucumaque, no entanto, a maior eficiência relativa foi encontrada nas cultivares BRS Novaera e BRS Itaim com 99,70% e 97,01%, respectivamente. Vale salientar a existência de bactérias simbióticas nativas, as quais podem limitar a eficiência das estirpes inoculadas, bem como pode ocasionar a colonização de rizóbios sem que haja a adição de estirpes. Nesse contexto, a BRS Itaim apresentou comportamento superior as demais cultivares, e o inoculante BR 3262 proporcionou o melhor desempenho da cultura.

Palavras-chave: Leguminosa; Inoculação; Fixação biológica de nitrogênio.



RENDIMENTO E QUALIDADE DE RAIZ EM CULTIVARES DE MANDIOCA (*Manihot esculenta* Crantz.)

Ester dos Santos Coêlho¹; Flávio Pereira da Mota Silvera¹; Francisco Adênio Teixeira Alves¹; Welder de Araújo Rangel Lopes¹; Gisele Lopes dos Santos¹; José Artur Silva¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹; Lindomar Maria da Silveira¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA).

*E-mail do autor apresentador: estersantos12@hotmail.com.

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é considerada uma cultura polivalente, e participa de programas que buscam intensificar a sustentabilidade na produção, uma vez que se constitui como uma relevante fonte de energia para humanos. A sua importância dá-se também em virtude da sua facilidade de cultivo e versatilidade de uso. Apesar de ser considerada rústica, necessita-se analisar o comportamento de cultivares da mandioca levando em consideração variáveis que indicam aspectos de interesse econômico. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar características de qualidade de raiz em diferentes cultivares de mandioca no Semi-Árido Potiguar. A pesquisa foi realizada na Fazenda Experimental Rafael Fernandes pertencente à Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), localizada no distrito de Alagoinha, zona rural do município de Mossoró/RN. O cultivo foi realizado no ano agrícola 2018-2019, conduzido em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. Foram avaliadas quatro cultivares de mandioca de mesa: Água Morna, BRS Gema de Ovo, Recife e Venâncio. A colheita da mandioca foi realizada 10 meses após o plantio, e em seguida foram separadas amostras de raízes de cada tratamento e levadas para o laboratório para a avaliação da firmeza da raiz, tempo de cocção e teor de amido. Os resultados obtidos foram submetidos à análise de variância pelo teste F ($p \leq 0,05$) e as médias referentes às cultivares de mandioca foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Pôde-se observar que a cultivar Água Morna apresentou os maiores valores de firmeza (19,95 N). A cultivar Recife destacou-se em relação ao tempo de cocção com 21,73 min, sendo essa variável importante na seleção de cultivar de mandioca para fins culinários e para indústria de produtos processados. O teor de amido foi superior nas cultivares Água morna e Venâncio com 25,64% e 25,84%. As cultivares de mandioca apresentaram respostas distintas para as características avaliadas, sendo necessária a realização de estudos que possam abranger mais variáveis de qualidade de raiz e com isso indicar a melhor cultivar levando em consideração a finalidade a qual será empregada. No geral, de acordo com os resultados, a cultivar Recife pode ser indicada para o uso culinário devido seu tempo reduzido de cocção, e as cultivares Água morna e Venâncio podem ser empregadas em atividades que proporcionem a potencialização do uso de seu amido.

Palavras-chave: Mandioca de mesa; Teor de amido; Semi-Árido.



AMPLIFICAÇÃO E EFICIÊNCIA DOS *PRIMERS* 18S E ACT EM SEMENTES DE *Hancornia speciosa* GOMES

Valdinete Vieira Nunes^{1*}; Juliana Lopes Souza¹; Crislaine Costa Calazans¹; Sara Lorena dos Santos Pádua²; Izabel de Jesus Candido³; Renata Silva-Mann³

¹Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe. ²Departamento de Biologia, Universidade Federal de Sergipe. ³Departamento de Engenharia Agrônômica, Universidade Federal de Sergipe. *val_nunes@academico.ufs.br.

A transcriptase reversa seguida de quantificação pela reação em cadeia da polimerase em tempo real (RT-qPCR) é amplamente utilizada em experimentos de quantificação da expressão gênica. Para obter resultados confiáveis é necessário RNA com boa qualidade e pureza, *primers* eficientes e sequências de genes estáveis que sirvam de referência. Objetivou-se avaliar a amplificação e eficiência dos *primers* 18S (unidade ribossomal 18S) e ACT (actina) em RT-qPCR para sementes de *Hancornia speciosa* Gomes, árvore frutífera que faz parte das espécies nativas do Brasil de valor econômico atual ou potencial. O RNA total foi extraído dos embriões das sementes com o kit comercial Nucleospin® RNA II (Macherey-Nagel). A quantidade e pureza determinadas por meio de espectrofotometria (relação da absorbância A260/A280 nm). As amostras de RNA foram tratadas com DNase I e reversamente transcritas em uma biblioteca de cDNA. Foram avaliados dois *primers* 18S e ACT, ambos com sequências desenvolvidas para a espécie *Medicago truncatula* Gaertn. A eficiência foi obtida a partir de diluições seriadas de cDNA (1:1; 1:2 e 1:4) para gerar a curva padrão de cada par de *primer*. A amplificação exponencial e a eficiência da RT-qPCR foram estimadas. O RNA total extraído variou de 61,16 a 173,23 ng/μL, a absorbância 260/280 nm manteve-se no intervalo de 2,1 a 2,2, considerado apropriado para uso em RT-qPCR. A ampliação exponencial do 18S foi 2,69 e indica que a reação duplicou a cada ciclo e, portanto, a reação teve uma eficiência de 1,69 ou 169%. Enquanto que para ACT a reação aumentou 14 vezes a cada ciclo, amplificação exponencial igual a 14,06 e eficiência de 48,4 ou 484%. Para os dois *primers*, a eficiência está fora do intervalo aceitável (100±10%). Os motivos que podem justificar estes resultados estão relacionados as diluições que não foram capazes de representar as variações na amplificação por terem passado do limite de detecção do aparelho ou a ineficiência dos *primers* por não serem específicos para a espécie. Sugere-se a realização de novos estudos com outras diluições para verificar a eficiência dos *primers* para *H. speciosa* e se existe a necessidade do desenho de *primers* específicos por meio do sequenciamento.

Palavras-chave: mangabeira; flora brasileira; RT-qPCR.

Agradecimentos: CAPES, UFS e GENAPLANT.



DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE *Macroptilium lathyroides* (L.) Urb. COLETADOS NA REGIÃO DO SUBMÉDIO DO VALE DO RIO SÃO FRANCISCO

Rodrigo Oliveira Borges^{1*}; Wasline Terllizzie Rocha Lopes Borges¹; Timóteo Silva dos Santos Nunes²; Bruno Augusto de Souza Almeida¹; Pedro Alves Ferreira Filho¹; Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva^{1,3}

¹Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). * roborges89@gmail.com

²Universidade Federal do Vale do São Francisco.

³Departamento de Ciências Exatas e Naturais, UESB.

A espécie *Macroptilium lathyroides* (L.) Urb. é uma leguminosa forrageira conhecida popularmente como feijão-dos-arrozais, figo-de-pomba e feijão-de-rola. Apresenta centro de origem no continente americano e ocorre nas zonas tropicais e subtropicais do planeta. Enquanto recurso natural, pode ser utilizada como banco de proteína ou conservada, principalmente na forma de feno, apresentando, portanto, potencial forrageiro. Considerando a necessidade de caracterização de diversidade que potencialize o uso deste recurso genético, objetivou-se avaliar a diversidade genética de acessos de *M. lathyroides* (L.) Urb. coletados nas cidades de Juazeiro-BA e Petrolina-PE (submédio do vale do rio São Francisco). Para tanto, foram considerados 15 descritores morfoagronômicos (quantitativos) em experimento com delineamento experimental inteiramente casualizado (26 acessos e três repetições). Para a obtenção das plântulas, foram utilizadas bandejas de polipropileno contendo substrato para hortaliças. Vinte dias após a semeadura as plântulas foram transplantadas para a área experimental, dispostas em parcelas contendo cinco linhas com espaçamento entre si de 0,3 m e espaçamento entre plantas de 0,2 m e cultivadas por 104 dias em uma área útil de 0,24 m², até serem colhidas. A diversidade genética foi estimada com base na distância generalizada de Mahalanobis e os agrupamentos realizados pelo método hierárquico UPGMA. Também foram calculados o coeficiente de correlação cofenético (CCC) e a importância relativa dos caracteres (S.j). O corte do dendrograma foi realizado utilizando a metodologia de Mojena, com base no critério local. Foram observados seis grupos, com coeficiente de correlação cofenético (CCC) de 0,74. Os grupos foram compostos por oito (grupo I), seis (grupo II), quatro (grupo III), seis (grupo IV) e um (grupos V e VI). O descritor largura da folha apresentou aproximadamente 40% de influência na distinção dos grupos, enquanto os descritores produção de sementes e, comprimento e largura do folíolo não influenciaram na formação dos grupos. Estes resultados demonstram, que há variabilidade entre os acessos de *M. lathyroides* (L.) Urb. coletados no submédio de vale do rio São Francisco, possibilita a seleção de descritores a serem priorizados e, ou desconsiderados, potencializando iniciativas de programas de seleção e (pré)melhoramento.

Palavras-chave: leguminosa forrageira; pré-melhoramento; recursos genéticos



ANÁLISE IN SILICO DA EXPRESSÃO DO GENE RPP5 PARA RESISTÊNCIA A VESPA-DA-GALHA EM EUCALIPTO

Crislaine Costa Calazans^{1*}; Valdinete Vieira Nunes¹; Juliana Lopes Souza¹; Fernanda Evangelista de Almeida²; Renata Silva-Mann²

¹Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade- PPGAGRI, Universidade Federal de Sergipe – UFS – São Cristóvão/SE – Brasil. ²Departamento de Engenharia Agrônômica – DEA, Universidade Federal de Sergipe – UFS – São Cristóvão/SE – Brasil. *cris.calazans@yahoo.com.br.

Espécies do gênero *Eucalyptus* possuem ampla importância comercial. Entretanto, o ataque por patógenos é um fator limitante às plantações, com destaque para o agente causador da galha. *Leptocybe invasa* Fisher & La Salle 2004, conhecida como vespa-da-galha, é um inseto que exibe o comportamento de oviposição endofítica induzindo a formação de galhas nas folhas e pecíolos de *Eucalyptus*. Apesar da importância ecológica e econômica das espécies do gênero, grande parte da interação biológica entre a praga e a planta permanece pouco compreendida. 19 genes de resistência à vespa-da-galha em eucalipto (*Pto*, *Bs2*, *Gpa2*, *I2*, *Rxl*, *Rx2*, *Sw5*, *Xa1*, *RplMil*, *L*, *M*, *N*, *P*, *Rppl*, *Rpp5*, *Rps4*, *Cf4*, *Cf5* e *Xa2l*) estão descritos na literatura. O gene *Rpp5* (*Recognition of Peronospora Parasitica 5*) contém um local de ligação de nucleotídeos putativos e repetições ricas em leucina. Dessa forma, foi objetivo do trabalho analisar o perfil biológico de expressão do gene *Rpp5* em diferentes partes da planta, bem como identificar os possíveis genes com relação de co-expressão. Para isso, foram realizadas análises na plataforma e-Plant e Genemania com base na espécie modelo *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. Os maiores níveis de expressão foram obtidos nas folhas senescentes (458), seguidas dos cotilédones (350), folhas jovens (349), pólenes (290), caules (180), hipocótilos (157), flores (150), sementes (148) e raízes (41). Quanto ao escore de expressão do gene em nível celular verificou-se maior expressão no citosol e plastídio (10), seguido do núcleo, mitocôndrias (6) e da membrana plasmática (2). Não houve expressão do gene nas demais regiões da célula. Para a co-expressão foi obtida uma rede de interação com 21 genes, dos quais 13 genes são pertencentes a família de proteínas de resistência a doenças (classe TIR-NBS-LRR). Conclui-se que o gene *Rpp5* é gene alvo para a identificação da resistência do *Eucalyptus* a pragas. A análise desse gene poderá ser de grande importância para o entendimento dos eventos que levam ao desenvolvimento de resistência ou susceptibilidade da planta à praga e ao surgimento dos sintomas associados à doença da galha.

Palavras-chave: Co-expressão; e-Plant; Resistência.

Agradecimentos: CAPES, UFS, GENAPLANT.



CLASSIFICAÇÃO DE PORTA-ENXERTOS DE VIDEIRA TOLERANTES À SECA USANDO APRENDIZAGEM DE MÁQUINAS

Nina Iris Verslype^{1*}; Raphael Miller de Souza Caldas²; André Câmara Alves do Nascimento³; Rosimar dos Santos Musser⁴; Agnaldo Rodrigues de Melo Chaves⁵; Patrícia Coelho de Souza Leão⁶

^{1,2,3,4}Universidade Federal Rural de Pernambuco. ^{5,6}Embrapa Semiárido. *E-mail do autor apresentador: nina.iris.v@gmail.com

Os programas de melhoramento genético de plantas buscam selecionar genótipos superiores, para atender as necessidades do homem, no aumento da produtividade, na estabilidade e qualidade, assim como na redução dos impactos ambientais e nos custos de produção. Dessa forma, a videira pertencente à família *Vitaceae*, é considerada uma fruteira de grande importância socioeconômica, necessita de mais estudos frente às mudanças climáticas junto com a escassez dos recursos hídricos e ao alto custo dos insumos, com isso espera-se que traga novos desafios para o setor vitivinícola. Entre os vários fatores limitantes da cultura, destaca-se a restrição hídrica prolongada, que provoca reduções significativas no desenvolvimento, produtividade e qualidade final da uva. Diante desta problemática, existe um crescente investimento na busca de alternativas que racionalizem o uso de água da irrigação, tais como o uso e desenvolvimento de porta-enxertos tolerantes à seca. Para facilitar as avaliações vem sendo empregado cada vez mais o uso de algoritmos de aprendizado de máquinas em diversas áreas de estudo como no melhoramento genético de plantas. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi de descobrir o grau de tolerância à seca das cultivares IAC 313, IAC 572 e IAC 766 através do aprendizado de máquinas, com o intuito de indicar os materiais mais promissores em trabalhos de seleção de porta enxertos tolerantes ao déficit hídrico para o cultivo da videira na região do Submédio do Vale do São Francisco. O trabalho foi realizado a partir de dados de 43 cultivares de porta-enxertos coletados em bancos de dados públicos, artigos e livros, que foram reunidos e submetidos ao software Weka, versão 3.9.4 empregando-se o algoritmo Random Forest para prever e classificar os porta-enxertos nos grupos de tolerância à seca baixa, média-baixa, média e alta. Os resultados obtidos alcançaram um roc area médio de 0,914 e pode-se prever que os três porta-enxertos do IAC, foram classificados com média-baixa tolerância ao déficit hídrico. Desta forma, o aprendizado de máquina mostrou-se uma ferramenta eficiente na predição de classes de tolerância à seca de porta-enxertos de videira, podendo contribuir para a seleção de porta enxertos de videira tolerantes ao déficit hídrico.

Palavras-chave: Déficit hídrico; mudanças climáticas; algoritmo de aprendizado.

Agradecimentos: Ao CNPq pela bolsa de mestrado, a UFRPE e Embrapa Semiárido pelo apoio institucional.



APLICAÇÃO DO TESTE DE MICRONÚCLEO COM *ALLIUM* CEPA PARA AVALIAÇÃO GENOTÓXICA E MUTAGÊNICA EM AMOSTRAS DE ÁGUA DO RIO VERRUGA

Joabe Meira Porto^{1*}, Jéssica Sousa Santos², Helena Dantas Barros²,
Eliane Mariza Dortas Maffei²

¹UFLA - Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brasil.

²UESB - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista, Bahia, Brasil.

*joabemporto@gmail.com

Estudos citogenéticos de espécies vegetais informam a respeito de possíveis alterações cromossômicas nas plantas devido à presença de agentes mutagênicos na sua composição ou decorrentes do seu metabolismo. Assim, este estudo teve como objetivo utilizar as raízes de *Allium cepa* como bioindicador por meio do teste de micronúcleos para analisar a qualidade dos recursos hídricos das águas do Rio Verruga. Coletou-se amostras de água do Rio Verruga, em Vitória da Conquista, Bahia, em dois pontos com diferentes graus de impactos. As raízes cresceram à temperatura ambiente, sendo coletadas e fixadas em Carnoy. Após o preparo citológico com coloração pelo método de Feulgen, realizou-se a montagem das lâminas permanentes com lamínulas, xilol e bálsamo do Canadá e analisadas no fotomicroscópio Leica. Realizou-se três tratamentos, controle negativo com água destilada, água coletada na região do Estádio Lomanto Júnior e água coletada no bairro Santa Marta. As análises dos micronúcleos foram realizadas com contagem de células na intérfase e os valores foram transformados em médias. As alterações nas fases do ciclo celular foram avaliadas qualitativamente. Avaliou-se em média 1.020 células no controle negativo, não sendo encontrados micronúcleos, e a mitose ocorreu de forma normal. No ponto de coleta na área do Estádio Lomanto Júnior a média de células quantificadas foi 1.135, sendo que a contagem de micronúcleos foi em média 22, considerada muito alta. Este resultado indicou a existência de potencial carcinogênico neste ponto de coleta. A análise qualitativa também revelou alterações nas fases do ciclo celular como pontes anafásicas, C-metáfases e sincronização de células na telófase em grande quantidade, confirmando a existência de potencial mutagênico. No ponto de coleta em Santa Marta, avaliou-se em média 1.012 células e a ocorrência de micronúcleos foi em média 21, considerada muito alta. Dentre as anormalidades mais observadas durante a divisão celular se destacaram as células binucleadas, pontes na anáfase e C-metáfases. Os resultados indicaram a existência na água analisada, agentes genotóxicos e mutagênicos causadores de alterações no ciclo celular. Dessa forma é possível concluir que a contaminação por esses agentes, levou a ocorrência de atividade mutagênica nas raízes de *A. cepa*. Este estudo pode ser tomado como base para outros estudos futuros que visam a alteração da poluição sobre outros materiais biológicos.

Palavras-chave: Citogenética, Mutagênicos, Teste de MN.



POTENCIAL DE USO DE GERMOPLASMA DE MARACUJAZEIROS SILVESTRES COMO PORTA-ENXERTOS PARA ESPÉCIES COMERCIAIS

Milena dos Santos Coutinho¹; Manoel Abilio de Queiróz²; Francisco Pinheiro de Araújo³

¹Universidade do Estado da Bahia. ²Universidade do Estado da Bahia. ³Embrapa Semiárido. *coutinhomilena20@gmail.com

A cultura do maracujazeiro é muito importante no Brasil, pois, é o maior produtor mundial com uma produção de mais de 602 mil toneladas em uma área de 43 mil hectares e a região Nordeste é a maior produtora, mais de 375 mil toneladas que representa 62% da produção nacional, essencialmente com a espécie *Passiflora edulis* f. *flavicarpa*, porém, a cultura é acometida por murchas causada pelos fungos *F. oxysporum* Schlecht f. sp. *passiflorae* e *F. solani* Sacc,. Assim, a Embrapa Semiárido fez um trabalho de resgate de acessos de maracujazeiros nativos no Semiárido brasileiro, onde foram resgatados 53 acessos da espécie *Passiflora cincinnata* Mast coletados em 18 Unidades Geoambientais nos estados da Bahia, Ceará, Paraíba, Pernambuco e Piauí. Desse total, apenas 32 se conseguiu germinar as sementes uma vez que os 21 acessos restantes mostraram uma forte dormência que não foi superada. Mesmos com os 32 acessos que foram germinados se observou uma grande variabilidade morfológica entre e dentro dos acessos. Posteriormente, o trabalho de superação da dormência foi resolvido e todos os acessos disponíveis no Banco, tendo sido possível incluir mais dois acessos (*P. laurifolia* e *P. luetzelburgii*). Dessa forma foi estabelecido uma coleção no Campo Experimental da Caatinga da Embrapa Semiárido em 2004 com 55 acessos. Assim, foram colocados em campo, em delineamento experimental de blocos casualizados, 220 plantas. A área era de caatinga preservada onde nunca havia sido feito nenhuma cultura. No entanto, possivelmente com a introdução de algumas plantas de maracujazeiro de *P. edulis* contaminadas com os fungos da murcha, os mesmos foram se disseminando na coleção, possivelmente pela água de irrigação e, dessa forma, as plantas da coleção foram morrendo com sintomas de fusariose que foi confirmada no laboratório de Fitopatologia da Embrapa Semiárido. Porém, restaram seis plantas das duas espécies *P. laurifolia* e *P. luetzelburgii* que estão vegetando bem e produzindo frutos, agora no ano de 2020, portanto, com 16 anos de permanência em campo, permitindo se hipotetizar a existência de alelos de resistência aos dois fungos causadores da murcha. Essas plantas estão sendo estudadas no que tange ao processo propagativo tanto por sementes como por métodos de propagação vegetativa de modo a se poder confirmar se, de fato, são resistentes e, em caso positivo, se poder estabelecer um porta-enxerto com resistência a esses dois estresses bióticos para ser usado com a copa do maracujazeiro cultivado.

Palavras-chave: Fusariose; resistência; recursos genéticos vegetais.

Agradecimentos: À Embrapa Semiárido, à UNEB pelo suporte à pesquisa e à CAPES pela concessão da bolsa.



AVALIAÇÃO DA REAÇÃO DE SUBACESSOS DE MELÃO AO VÍRUS DO AMARELÃO

Evelyn Katharine Jesus Coelho da Silva^{1*}; Alessandro Rosa Nascimento¹;
Bárbara Laís Ramos Barbosa²; Graziela da Silva Barbosa¹; Milena dos Santos
Coutinho¹; Ranayne Silva de Alcantara¹; Tainá Ferreira Soares¹; Manoel Abilio
de Queiroz¹

¹Universidade do Estado da Bahia. ²Universidade Estadual de Feira de Santana.
*evelynkatharine@outlook.com

A produção de melão (*Cucumis melo* L.) concentra cerca de 95% da produção nacional de meloeiro no Semiárido brasileiro e destina a produção para os mercados interno e externo. Também existem plantios de melão na agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, notadamente no Maranhão, e que apresentam variabilidade para muitas características de interesse para a cultura e parte desse germoplasma foi coletado e está no Banco Ativo de Germoplasma do Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semiárido, em Petrolina-PE. Porém, os cultivos comerciais são acometidos por doenças e, entre elas, o vírus do amarelo do meloeiro (*Cucurbit aphid-borne yellows virus* - CABYV) que pode gerar perdas de até 100% da produção. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a reação de alguns subacessos de melão ao vírus do amarelo. O trabalho foi realizado no Campo Experimental da Universidade do Estado da Bahia, no Departamento de Tecnologia e Ciências Súcias - Campos III, Juazeiro-BA, com delineamento em blocos ao acaso, com quatro blocos. Os subacessos BGME20.0, 22.0, 23.0, 27.2, 30.0, 42.2, 73.0 e 104.0 e duas cultivares comerciais (Amarelo e o híbrido Louro) foram avaliados em experimentos de campo. Se avaliou a severidade do amarelo (SAM) por meio de uma escala de notas sendo 0- sem sintomas na planta e altamente resistente a 4 - de 75-100% e altamente suscetível e o índice de severidade (IA) correspondeu ao número de plantas por tratamento com algum sintoma visual da doença e transformado em porcentagem. O suprimento de umidade foi por gotejamento. O software estatístico AgroEstat, foi usado para a análise de variância e o teste de Scott & Knott para agrupamento de médias. A variável SAM (variou de altamente suscetível - 3,7 a resistente -1,1) e a IA (variou de 5 a 60% de plantas sem sintomas do vírus) sendo significativas a 1% de probabilidade e com valor de CV alto indicando variabilidade entre plantas dentro dos subacessos. Considerando os subacessos com plantas sem sintomas, o subacesso BGME23.0, apresentou 5%; o subacesso BGME30.0, 10%; o subacesso BGME20.0, com 28,6% e o BGME22.0, 60%. Essas plantas assintomáticas são prováveis fontes de resistência, necessitando, contudo, estudos moleculares para confirmar a ausência do vírus.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; Variabilidade genética; CABYV.

Agradecimentos: Agradeço ao CNPq/PIBIC, pela concessão da bolsa, ao meu orientador e a Universidade do Estado da Bahia pelo fornecimento de toda a infraestrutura.



AVALIAÇÃO DA BROTAÇÃO DE ACESSOS DE ARARUTA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFMT NO NORTE DO MATO GROSSO

Douglas Rafael Dreher^{1*}; Afonso da Silva Oliveira¹; Carlos Eduardo Garcia Medeiros¹; Lucas Rodrigues Versari¹; Quélen de Lima Barcelos¹; Maurício Farias Couto¹

¹Universidade Federal de Mato Grosso. *douglasdreher22@gmail.com

A araruta (*Maranta arundinacea* L.) é considerada no Brasil uma hortaliça não convencional, por não estar inserida no contexto comercial de produção e comercialização. Originária da América do Sul apresenta potencial econômico para produção de amido o qual possui qualidades consideradas inigualáveis, conferindo leveza e alta digestibilidade. Além de possuir um amido de excelente qualidade não possui glúten e pode ser mais uma alternativa para os celíacos de todo o mundo. Esta cultura foi deixando de ser cultivada no Brasil devido a concorrência com outras também produtoras de amido estabelecidas a nível industrial tal como a mandioca e o milho. A espécie correu risco de extinção, o que seria lastimável é ainda pouco conhecida no mundo científico. O valor de um recurso genético vegetal conservado é dependente da informação utilizada para prover o seu uso. O objetivo deste trabalho é avaliar a brotação de diferentes acessos de araruta no Norte do Estado de Mato Grosso. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Mato Grosso-Campus de Sinop. Para a implementação do experimento foi utilizado sete acessos, sendo eles: CO-1, CO-2, RO-1, UCDB-1, UCDB-2, UCDB-3 e a cultivar comum. Todos os acessos são oriundos do banco de germoplasma da UFMT Campus de Sinop. Os rizomas selecionados foram preparados, sendo retiradas as escamas e seccionados, de modo que todas os propágulos continham 6 gemas germinativas. Em seguida, os propágulos foram plantados verticalmente em vasos de 3 litros com substrato orgânico. O delineamento experimental implantado foi o de blocos inteiramente casualizados com 4 repetições, sendo cada repetição formada por uma parcela com 5 plantas, o experimento foi conduzido em casa de vegetação com temperatura controlada com turno de rega a cada dois dias. As coletas dos dados de brotações foram feitas nos dias de rega, contando a partir do dia da instalação do experimento. Todos os acessos originaram brotações sendo o acesso CO-1 o que apresentou a menor porcentagem (85%), os acessos CO-2, UCDB-2 e UCDB-3 exibiu uma porcentagem de 90%, enquanto UCDB-1, COMUM e RO-1 obteve 100% de brotação. O tempo médio de brotação variou de 7,4 a 19,44 dias entre os acessos avaliados, a menor estimativa está associada ao acesso CO-2 e a maior ao acesso UCDB-2. Houve diferença significativa ($p < 0,01$) entre os acessos analisados no que diz respeito ao número de dias para brotação. O teste de Skott-Knott formou dois grupos de médias sendo o primeiro formado pelos acessos CO-1, CO-2, RO-1 e Comum, o segundo grupo foi formado pelos acessos UCDB-1, UCDB-2 e UCDB-3, os acessos dentro de cada grupo são estatisticamente iguais entre si. Os resultados apontam que há diferença entre os acessos avaliados no que diz respeito ao número de dias para a germinação

Palavras-Chave: *Maranta arundinacea* L., acessos, brotação.

Agradecimentos: UFMT-Campus de Sinop e ICNHS



IDENTIFICAÇÃO DO PONTO DE COLHEITA DE ACESSOS DE MELÕES DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO NORDESTE BRASILEIRO

Bárbara Laís Ramos Barbosa^{1*}; Clisneide Coelho de Amorim¹; Natália Campos da Silva¹; Milena dos Santos Coutinho²; Tainá Ferreira Soares²; Evelyn Katherine Jesus Coelho da Silva²; Graziela da Silva Barbosa²; Manoel Abilio de Queiróz²

¹Universidade Estadual de Feira de Santana. ²Universidade do Estado da Bahia. *E-mail do autor apresentador: barbararamos00@hotmail.com

O melão (*Cucumis melo* L.) tem o Semiárido do Nordeste brasileiro como destaque na produção para o comércio interno e externo. Porém, em algumas localidades dessa região o cultivam em pequenos estabelecimentos agrícolas, notadamente na agricultura tradicional do estado do Maranhão, com sementes próprias. Algumas dessas amostras foram coletadas e armazenadas, a 10 °C e 40% de umidade relativa, no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semiárido. Estudos vêm sendo realizados para identificar o ponto de colheita, pois é um fator importante para a qualidade do fruto. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar uma amostra de acessos da agricultura tradicional que estavam armazenados no BAG de Cucurbitáceas, e identificar o ponto ideal de colheita para os diferentes grupos botânicos estudados. Para tanto, foi conduzido um experimento de campo na área experimental do Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia, Juazeiro-BA, onde os tratamentos utilizados foram colhidos em condições ideais de coloração, tamanho, formato, sabor e aroma. Os 15 tratamentos foram dispostos em blocos casualizados, sendo seis do grupo botânico *momordica* (BGME20.0, 27.2, 28.1, 42.1, 74.1 e T6COD98.1), sete do grupo *makuwa* subgrupo *nashi-uri* (BGME22.0, 104.0, 113.0, 114.0, 116.0, 117.0 e 156.0), e dois de *cantalupensis* subgrupo *prescott* (BGME30.0 e 42.2), com três repetições e cinco plantas por parcela. Após colheita dos frutos foi calculado o número de dias do transplântio até a colheita (DPC) e os dados foram submetidos à análise univariada, sendo as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5%. Foi possível observar que a média do DPC variou de 62,4 (BGME27.2 *momordica*) a 76,0 (BGME30.0 e 42.2 *cantalupensis*). Houve formação de dois agrupamentos de médias, sendo um onde o DPC variou de 73,0 à 76,0, reunindo os subacessos de *cantalupensis*, e um acesso de *momordica*, e outro agrupamento onde o DPC variou de 62,4 a 66,2 que reuniu todos os acessos de *makuwa* e o restante de *momordica*. Dessa forma, pode-se inferir que os grupos botânicos *makuwa* subgrupo *nashi-uri* e a maior parte de *momordica* foram mais precoces, sendo um fator de grande interesse para produtores e para os trabalhos de melhoramento da cultura do melão.

Palavras-chave: maturação; diversidade; agricultura tradicional.

Agradecimentos: à CAPES, à FAPESB pela concessão da bolsa, à Embrapa pela cessão das sementes do BAG e à UNEB pelo suporte para a condução da pesquisa.



PARÂMETROS GENÉTICOS EM FEIJÃO-CAUPI INOCULADAS COM MICRORGANISMOS E BACTÉRIAS EM CAMPO

Ariana Lisboa Meira¹; Joelma da Silva Santos¹; Joseani Santos Ávila¹; Talitta Silva dos Santos Paiva¹; Thays Moura Santana², Divino Levi Miguel¹, Cláudio Lúcio Fernandes Amaral³

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), Vitória da Conquista, BA.

²Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC), Ilhéus, BA. ³Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, BA.* E-mail do autor apresentador: arilismeira@yahoo.com.br

O feijão-caupi é uma leguminosa destinada à produção de grão para o consumo humano, especialmente na região Nordeste, que possui diversidade genética de cultivares. O objetivo do trabalho foi estimar parâmetros genéticos para a cultivar de feijão-caupi BRS Guariba inoculadas com bactérias fixadoras de nitrogênio (FBN) e microrganismos eficazes (EM) a campo. Os tratamentos consistiram da inoculação com FBN, EM, FBN/EM, adubação com ureia e sem adubação nem inoculação, delineamento experimental em blocos casualizados, 5 repetições e 5 tratamentos, totalizando 25 parcelas. A parcela experimental correspondeu a 12m², com cinco linhas de plantio de 6,0m de comprimento, área útil constituída de três linhas centrais, sendo 1,0m, destinado às extremidades e duas fileiras nas laterais como bordadura. As características avaliadas foram: altura da planta (AP), número de nós do ramo principal (NNRP), número de ramos laterais (NRL), número de folhas (NF), diâmetro do caule (DC), comprimento de vagem (CV), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), massa de cem grãos (MCG), índice de grãos (IG) e produtividade (PROD). O NRL, NF e IG foram as variáveis que se diferiram entre as fontes de nutrientes, sendo realizadas estimativas de parâmetros genéticos, por apresentarem variabilidade genética entre os diferentes tratamentos. As estimativas dos coeficientes de variação fenotípica (CVP) e genotípica (CVG) foram médias para NRL e baixa para NF e IG. Para as variáveis NRL e NF, tanto herdabilidade (h^2) quanto ganho genético (GA) foram elevados, recomendando-se a seleção massal. As estimativas das correlações fenotípicas (r_p), genotípicas (r_g) e ambientais (r_e) para as variáveis analisadas foram altas e, na maioria, não significativas. As sementes de feijão-caupi quando inoculadas com EM e FBN/EM promoveram incremento em relação aos demais tratamentos para as variáveis analisadas. A inoculação com FBN, EM e FBN/EM obtiveram incremento na produtividade em relação à adubação nitrogenada, promovendo a redução de custo de produção com aquisição de adubos nitrogenados sintéticos.

Palavras-chave: FBN/EM; nodulação; *Vigna unguiculata*.

Agradecimentos: À FAPESB (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia), pela concessão de bolsa da primeira autora. À UESB e PPGAGRO (Programa de Pós-graduação em Agronomia), por permitir o ingresso na instituição e no programa de pós-graduação. Ao Cid Simões, engenheiro agrônomo da Ambiem, por ter cedido o EM.



COMPOSTOS BIOATIVOS DE BELDROEGÃO (*Talinum paniculatum* L.) SUBMETIDA A DIFERENTES MÉTODOS E TEMPOS DE COCÇÃO

Cabral, M. N. F.¹; Gonçalves, G. G.¹; Ferreira, M. I.¹; Belin, M. A. F.¹; Lima, G. P. P.; Ming, L. C.²

¹Universidade Estadual Paulista UNESP; ²Universidade Federal de Santa Catarina UFSC. mnfmariana@gmail.com

Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANC) podem ser consideradas alimentos nutracêuticos, pois são fontes de compostos bioativos, e podem auxiliar no combate a inúmeras doenças. A espécie *Talinum paniculatum* L., popularmente conhecida por “beldroegão” ou “maria gorda” é uma PANC com todas as partes vegetativas e reprodutivas comestíveis, cruas ou cozidas. O objetivo deste trabalho foi analisar os teores de compostos bioativos e a atividade antioxidante das folhas de *T. paniculatum*, *in natura* e após o processamento térmico. A coleta da espécie foi realizada em área experimental do Departamento de Horticultura da UNESP de Botucatu-SP, durante o outono de 2018. As plantas coletadas foram lavadas, higienizadas e separadas em dois grupos de amostras: I) *in natura* e II) processamento térmico. As amostras do grupo II foram submetidas a três tipos de processamento térmico (A-cocção a vapor; B-cocção em ebulição e C-calor seco) durante três tempos diferentes (três, seis e nove minutos). O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com no mínimo, três repetições por amostra. Após o cozimento, as plantas foram embaladas, congeladas em nitrogênio líquido, liofilizadas e maceradas para as análises. Foram determinados os teores de fenóis totais, flavonoides totais e atividade antioxidante (via FRAP) por espectrofotometria UV-Vis. Os resultados foram expressos em massa seca. Todos os processamentos térmicos resultaram em aumento dos teores desses compostos bioativos e da atividade antioxidante. Após a cocção a vapor por nove minutos, os teores de fenóis totais foram mais de seis vezes maiores (3,6g Equivalentes de Ácido Gálico (EAG)/100g) que os teores da planta *in natura* (0,5 g de EAG/100g). Em relação aos teores de flavonoides totais, o processamento por calor seco durante três minutos gerou resultado (2,53g Equivalentes em Quercetina (QE)/100g) mais de sete vezes maior do que o da planta *in natura* (0,39g QE/100g). A atividade antioxidante via FRAP, passou de 18,3mmol Fe/kg *in natura* para 271,2mmol Fe/kg após cocção a vapor por 9 minutos. Portanto, observa-se que o processamento térmico da hortalíça *T. paniculatum* favorece a disponibilidade de seu conteúdo de bioativos. A cocção facilitou a extração desses compostos, o que indica que seu conteúdo pode ser mais bem aproveitado se a hortalíça for submetida a esse método de preparo. Ainda indica que o tempo e o método de cocção interferem na disponibilidade de conteúdo bioativo da planta estudada.

Palavras-chave: PANC; atividade antioxidante; processamento térmico.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior CAPES



INFLUÊNCIA DO MÉTODO DE COCÇÃO EM COMPOSTOS FENÓLICOS E ATIVIDADE ANTIOXIDANTE DE PICÃO-PRETO (*Bidens pilosa* L.)

Cabral, M. N. F.¹; Gonçalves, G. G.¹; Ferreira, M. I.¹; Belin, M. A. F.¹; Lima, G. P. P.; Ming, L. C.²

¹Universidade Estadual Paulista UNESP; ²Universidade Federal de Santa Catarina UFSC. mnfmariana@gmail.com

Picão-preto (*Bidens pilosa* L.) é uma planta espontânea e considerada planta alimentícia não convencional (PANC), além de ser usada na medicina popular brasileira por sua reconhecida atividade anti-inflamatória, proveniente de seus compostos bioativos e atividade antioxidante. O processamento térmico pode influenciar a extração desses compostos da matriz celular e, consequentemente, alterar a capacidade antioxidante dessa planta. Dessa maneira, o objetivo desse trabalho foi quantificar os níveis de fenóis totais e a capacidade antioxidante de picão preto (*B. pilosa* L.), *in natura* e após processamento térmico. As amostras foram colhidas na Fazenda Lageado, no outono de 2018, no município de Botucatu-SP, foram higienizadas e imediatamente submetidas à cocção a vapor e à cocção em água em ebulição durante 3, 6 e 9 minutos para cada um dos tratamentos térmicos. Os níveis de fenóis totais e a capacidade antioxidante (via FRAP) foram analisados através de espectrofotometria UV-Vis. Os resultados foram expressos em massa seca. Nas análises de fenóis totais, a planta *in natura* apresentou 3,4g de Equivalentes de Ácido Gálico (EAG)/100g. A capacidade antioxidante foi 182,1 mmol Fe/kg. Os níveis de fenóis totais foram de 5,2g; 5,7g e 3,9g de EAG/100g após a cocção a vapor por 3, 6 e 9 minutos respectivamente e, quando cozida por ebulição, os níveis de fenóis totais foram de 4,0g; 2,2g e 1,8g de EAG/100g para 3, 6 e 9 minutos, respectivamente. A capacidade antioxidante das amostras submetidas à cocção a vapor foi maior em cocção por 6 minutos (413,3 mmol Fe/kg), seguido de 9 minutos (368,8 mmol Fe/kg) e 3 minutos (368,0 mmol Fe/kg). Na cocção em água em ebulição, a capacidade antioxidante foi maior quanto submetida à cocção por 3 minutos (305,4 mmol Fe/kg), seguido de 6 minutos (162,0 mmol Fe/kg) e 9 minutos (131,4 mmol Fe/kg). A cocção a vapor induziu maiores níveis de compostos bioativos quando comparados à cocção por ebulição nos mesmos tempos de processamento. Em relação aos teores da planta *in natura*, a cocção a vapor favoreceu maiores teores de fenóis totais em todos os tratamentos e a cocção por ebulição, no tratamento por 3 minutos. O mesmo foi observado para a capacidade antioxidante. É notável que a cocção a vapor do picão-preto facilita a extração de compostos bioativos e melhora sua capacidade antioxidante. Assim, podemos recomendar que o consumo de *B. pilosa* L. seja realizado após cozimento, preferencialmente a vapor.

Palavras-chave: PANC; atividade antioxidante; fenóis totais.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior CAPES



TOLERANCIA DAS SEMENTES DE BARBATIMÃO (*STRYPHNODENDRON CORIACEUM* BETH.) À DESIDRATAÇÃO E CONGELAMENTO PARA CONSERVAÇÃO EX SITU EM LONGO PRAZO

Dulce Alves-da-Silva¹.

¹ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; dulce.alves@embrapa.br

A espécie *Stryphnodendron coriaceum* Benth. é uma árvore do bioma Cerrado popularmente conhecida como barbatimão. Trata-se de uma espécie amplamente utilizada na medicina tradicional e de reconhecido potencial farmacológico. Apesar do bioma onde a espécie originalmente estava distribuída estar sendo substituído em larga escala e com grande velocidade e do extrativismo de indivíduos de *S. coriaceum* estar acontecendo sem manejo, a espécie ainda não possuía protocolo de conservação ex situ de suas sementes para a sua conservação em longo prazo. O objetivo desta pesquisa foi testar se as sementes de *S. coriaceum* toleram tratamento aplicados em sementes ortodoxas (desidratação seguida de congelamento) para a sua conservação ex situ em câmaras frias de bancos genéticos. Frutos foram coletados de quatro indivíduos na região de Ponte Alta do Tocantins (TO), transportados para Brasília (DF), beneficiados e utilizados em experimentos conduzidos na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Foram testados três pré-tratamentos de suas sementes: 1) Controle (sementes sem tratamento prévio), 2) Desidratação em sílica gel por 9 dias (sementes foram colocadas em um saco de organza e depositadas em uma caixa plástica hermeticamente fechada contendo sílica gel por 9 dias) e 3) Desidratação seguida de congelamento (sementes foram secas conforme descrito acima e embaladas em um saco plástico aluminizado que foi vedado e congelado (-5°C) por 7 dias). Após a aplicação dos pré-tratamentos descritos acima, as sementes foram escarificadas quimicamente (imersão em ácido sulfúrico concentrado por 45 minutos seguida de três enxagues de cinco minutos cada em água destilada) e germinadas em placas de Petri descartáveis de 90mm de diâmetro, com duas folhas de papel filtro, depositadas em BOD com temperatura de 25°C e fotoperíodo de 12h. Foram utilizadas cinco réplicas de 20 sementes por tratamento. As sementes do tratamento controle apresentaram 9%, as secas 5% e as secas e congeladas 6% de umidade. Tanto as sementes do tratamento controle, como as desidratadas e também as desidratadas e congeladas atingiram porcentagem média germinação entre 94 e 95%. Portanto, as sementes de *S. coriaceum* toleram a desidratação seguida de congelamento, podendo ser classificadas como ortodoxas. Os resultados encontrados indicam que as sementes de *S. coriaceum* podem ser depositadas em câmaras frias de bancos genéticos com a finalidade de sua conservação ex situ em longo prazo.

Palavras-chave: recursos genéticos, semente ortodoxa, escarificação química.



PARÂMETROS GENÉTICOS E VALORES GENOTÍPICOS EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA QUANTO AO RENDIMENTO DE PALMITO

Keny Henrique Mariguele^{1*}

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina/ Estação Experimental de Itajaí. *E-mail do autor apresentador: kenymariguele@epagri.sc.gov.br.

Dentre as palmeiras cultivadas em Santa Catarina, destaca-se a palmeira-real-australiana (*Archontophoenix* sp.). Porém, as mudas utilizadas são provenientes de sementes de plantas matrizes identificadas e no máximo selecionadas, mas nunca testadas via teste de progênie. De modo que, são inexistentes as informações genéticas das populações usadas para a produção de mudas e, portanto, necessário um programa de melhoramento que proporcione a seleção de genótipos e o lançamento de um cultivar. Os programas de melhoramento genético de plantas perenes são longos e onerosos, por isso a seleção de genótipos superiores é uma etapa importante e que deve ser realizada com todo rigor possível, a fim de se ter experimentos cada vez mais eficientes e métodos de seleção mais precisos. Por isso, o objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos de 42 famílias de meios-irmãos de palmeira-real-australiana quanto ao rendimento de palmito. As progênies provenientes da população da Epagri/Estação Experimental de Itajaí (EEI) foram avaliadas no município de Luiz Alves – SC, em delineamento de blocos ao acaso com 21 repetições e parcelas com 1 planta. O total de 882 plantas foram avaliadas, individualmente, na colheita, que ocorreu com 2 anos e 8 meses após o plantio. Os dados foram analisados no R, utilizando os pacotes lme4, lmerTest, dplyr e ggplot2. Foi observada variabilidade entre as plantas matrizes avaliadas, cuja variância genética aditiva foi 20796,94 e uma herdabilidade de 81%. Além disso, o rendimento médio de palmito foi de 398 g/planta. Dentre as 42 famílias avaliadas, cujos efeitos genéticos aditivos variaram de -124,28 até 119,04, 21 apresentaram efeitos positivo com uma acurácia de 0,9. Desse modo, é possível afirmar que existe variabilidade genética na população estudada e que a formação de um novo pomar de sementes provenientes de matrizes com efeitos genéticos aditivos positivos proporcionará ganho genético para o rendimento de palmito.

Palavras-chave: *Archontophoenix* sp.; Herdabilidade; Acurácia.

Agradecimentos: FAPESC.



DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA

Keny Henrique Mariguele^{1*}

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina/ Estação Experimental de Itajaí. *E-mail do autor apresentador: kenymariguele@epagri.sc.gov.br.

O cultivo de palmeiras para produção de palmito é uma atividade tradicional no Estado de Santa Catarina. Atualmente, a atividade envolve uma área de, aproximadamente, 10 mil ha, 51 viveiristas, 64 indústrias de conserva, que resultam em 1631 famílias ligadas à atividade. A profissionalização da atividade surgiu como alternativa ao extrativismo do palmito juçara (*Euterpe edulis* Mart.), nativo da Mata Atlântica. Dentre as palmeiras cultivadas, destaca-se a palmeira-real-australiana (*Archontophoenix* sp.). Conhecer a diversidade genética da população base de melhoramento possibilita tomar decisões para a condução do programa. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética de famílias de palmeira-real-australiana através de teste de progênie. Quarenta e duas famílias de meios-irmãos foram estudadas usando o delineamento blocos casualizados com 21 repetições e uma planta por parcela no município de Luiz Alves – SC. Foram avaliadas 10 variáveis: oito fitométricas e 2 de rendimento (basal e apical). As medidas fitométricas – altura de planta e diâmetro do colo – foram coletadas aos 6, 12, 18 e na colheita (28 meses) após o plantio. Os dados foram analisados no R, usando os pacotes: factextra (para a determinação do número de grupos) e vegan (para a padronização dos dados, calcular a distância euclidiana, gerar o dendrograma com UPGMA e cálculo da correlação cofenética). A partir do dendrograma gerado, com um valor de correlação cofenética de 0,72, houve a formação de 3 grupos assim representados: I – 9, II – 11 e III – 22 famílias. Sendo todas as famílias do grupo I e 12 das famílias do grupo III, as que se destacaram quanto ao rendimento de palmito. Portanto, é possível afirmar que existe variabilidade genética entre as plantas matrizes estudadas, para o conjunto de variáveis avaliadas. Além disso, a presença de famílias com os maiores rendimentos de palmito em diferentes grupos sugere uma maior probabilidade de sucesso no programa de melhoramento a longo prazo.

Palavras-chave: *Archontophoenix* sp.; Distância euclidiana; UPGMA.

Agradecimentos: FAPESC.



DIVERGÊNCIA FENOTÍPICA ENTRE ACESSOS DE UVAS FINAS ITALIANAS DO GERMOPLASMA DO INSTITUTO AGRONÔMICO

Mara Fernandes Moura¹; Cinthia Souza Rodrigues²; Geovani Luciano de Oliveira³; Andresa Toledo Chagas⁴; Armando Reis Tavares²; José Luiz Hernandes²;

¹Instituto agrônomo, Centro Avançado de Pesquisa de Frutas, Jundiaí/SP. ²Instituto Agrônomo de Campinas. ³Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP).

⁴Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Dracena/SP. *E-mail do autor apresentador: mouram@iac.sp.gov.br

Os recursos genéticos apresentam valor inestimável para o melhoramento de plantas. No manejo de coleções, avaliar a divergência fenotípica entre acessos é fundamental para obter informações e estabelecer estratégias do uso do germoplasma. Nesse contexto, o objetivo com este trabalho foi avaliar a divergência fenotípica de uvas italianas recém introduzidas ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Vitis* spp. do Instituto Agrônomo (IAC). Cada acesso é composto por quatro plantas que foram conduzidas em espaldeira, e a poda modalidade curta, com duas gemas. Foram avaliados 25 acessos de uvas italianas por meio da análise multivariada dos componentes principais e pelo método de médias aritméticas não ponderadas (UPGMA) para as variáveis número de cachos, massa fresca do cacho, comprimento e largura do cacho, massa fresca da baga, comprimento e largura da baga, massa fresca do engão, teor de sólidos solúveis, pH, acidez titulável e índice de maturação. Os resultados mostraram associação entre massa fresca do engão e comprimento do cacho e entre largura e comprimento da baga. Os componentes 1 e 2 (CP1 e CP2, respectivamente) da análise de componentes principais (ACP), explicaram 65,74% da variação total. O primeiro componente foi associado às características físicas de cachos, bagas e engão e o segundo foi associado ao número de cachos (NC) e ao índice de maturação (IM); sendo essas características as que mais contribuíram para a divergência dos fenótipos das videiras italianas. A combinação do método UPGMA e da análise ACP possibilitou a identificação de três grupos, o primeiro com apenas dois acessos, o segundo com 14 acessos, o terceiro com 9 acessos. O primeiro grupo, composto pelos acessos Malvasia Bianca e Garganega, apresentou os maiores valores para MFC. No segundo grupo são encontrados os acessos com valores intermediários para MFC e no terceiro os acessos com os menores valores de MFC. A identificação de grupos divergentes influenciará positivamente na escolha dos acessos para a realização de cruzamentos. Para a otimização dos resultados obtidos, a associação com marcadores moleculares será realizada para estimar os maiores graus de diversidade entre as variedades avaliadas.

Palavras-chave: componentes principais, UPGMA, descritores de videira.

Agradecimentos: Capes, CNPq, FAPESP



ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM GERMOPLASMA DE FEIJÃO-FAVA DE DISTINTAS ORIGENS

Rafael da Costa Almeida^{1*}; Leonardo Castelo Branco Carvalho²; Verônica Brito da Silva²; Ângela Celis de Almeida Lopes²; Regina Lucia Ferreira Gomes²

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí. ²Universidade Federal do Piauí. *rafa_scoutt@hotmail.com.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma importante espécie da família Fabaceae, que possui ampla distribuição mundial. Existe grande preocupação com a conservação dos recursos genéticos da espécie, o que mostra a importância dos Bancos de Germoplasma. As coleções de germoplasma *ex situ* têm aumentado em número e tamanho, contudo o crescimento não refletiu na utilização dos acessos conservados, devido principalmente a carência de informação. Logo, para o conhecimento e utilização é imprescindível que os acessos estejam caracterizados e avaliados. Neste estudo, objetivou-se caracterizar 55 acessos de feijão-fava do Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BGP/UFPI), coletados em diversos países (Andinos, Mesoamericanos, Sul americanos, entre outros), utilizando 17 descritores quantitativos, por meio de componentes principais, a fim de analisar a organização da diversidade genética. O experimento foi conduzido em telado utilizando-se delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Os caracteres número de dias para a floração (DIF); duração da floração (DF); número de dias até a maturação (DMV); número de vagens por planta (NVP); peso (PV), comprimento (COMPV) e largura de vagem (LV); número de lóculos (NLV) e sementes por vagem (NSV), peso (P100S), largura (LS) e espessura da semente (ES); área da semente (AS); perímetro do comprimento da semente (CPS); comprimento da semente (CS); relação comprimento e largura da semente (RCLS) e circularidade (CIRS) foram submetidos análise de componentes principais (PCA) utilizando o programa estatístico R. Por meio da PCA foram acumulados 62,98% da variância nos dois primeiros componentes. Além disso, os caracteres CPS (0,331), CS (0,330), AS (0,325), LS (0,319), P100S (0,317), PV (0,294) e COMPV (0,292) foram responsáveis pela formação do primeiro componente principal, sendo denominado como o caráter componentes de produção. O segundo componente principal ficou com DMV (-0,443), ES (0,395), RCLS (-0,391) e CIRS (0,389), sendo identificado como o forma da semente e ciclo. Os caracteres relacionados às vagens e, principalmente, às sementes foram os que mais contribuíram para a divergência genética entre os acessos avaliados. A análise de componentes principais separou os acessos baseado no estado biológico (cultivado e silvestre) do feijão-fava.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; Divergência Genética; Métodos multivariados.

Agradecimentos: CNPq, CAPES/PROCAD.



APLICAÇÃO DE ESTUDOS METABOLÔMICOS NO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ANANAS

Alvaro Luis Lamas Cassago^{1*}; Fernanda Vidigal Duarte Souza²; Guilherme Julião Zocolo³; Fernando Batista da Costa¹.

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto – Universidade de São Paulo. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura. ³Embrapa Soja. *alvaro.cassago@usp.br

A família Bromeliaceae possui 3.646 espécies que pertencem a 78 gêneros e é uma das maiores famílias com distribuição natural restrita ao Novo Mundo. No Brasil, distribui-se em grande parte dos biomas, sendo o gênero *Ananas* o mais importante dentro da família do ponto de vista econômico. *Ananas comosus* (L.) Merril., conhecido como abacaxizeiro, é uma espécie considerada como uma das frutas tropicais mais populares do mundo e o Brasil representou o terceiro lugar na produção mundial de abacaxi com mais de 2,5 bilhões de toneladas, ficando atrás apenas da Costa Rica e Filipinas. O uso dos seus frutos é prioritariamente para alimentação, ainda que outros estudos tenham sido realizados buscando outras aplicações. A realização de estudos fitoquímicos com representantes do gênero, sobretudo com partes das plantas que são pouco estudadas, ainda são muito discretos. Portanto, o objetivo deste trabalho foi demonstrar a diferença da constituição química das folhas de 35 acessos de diferentes variedades botânicas do Banco Ativo de Germoplasma de abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para tanto, empregou-se um método analítico baseado em cromatografia líquida de ultraeficiência acoplada a espectrometria de massas, com auxílio de um banco de estruturas químicas *in house*. As folhas dos 35 indivíduos foram retiradas e logo em seguida passaram pelo processo de *quenching* (tratamento com nitrogênio líquido), sendo então submetidas a secagem em estufa a 40 °C durante três dias. Após o processo de secagem, as amostras foram pulverizadas, embaladas a vácuo e armazenadas sob refrigeração até seu uso para posterior extração. O processo de extração dos metabólitos foi realizado à temperatura ambiente com uma solução hidroalcolica (70% de etanol) em banho de ultrassom por 10 min. As análises dos extratos foram realizadas em um cromatógrafo líquido de ultraeficiência acoplado a espectrômetro de massas equipado com fonte ionização a pressão atmosférica por *electrospray* e analisador de massas de alta resolução do tipo *Orbitrap*. Os dados das amostras foram processados e analisados empregando *software* específicos, seguido da etapa de anotação de substâncias dos extratos utilizando a biblioteca de estruturas químicas do gênero *Ananas* elaborada neste estudo. Essa anotação foi preliminar e baseada apenas na comparação das massas monoisotópicas em alta resolução das diferentes substâncias identificadas com os dados da biblioteca *in house*. Os resultados mostram que há diferença na constituição química das folhas, entre os acessos, com evidências de uma variabilidade na composição dos metabólitos intra e inter variedades taxonômicas do gênero *Ananas*.

Palavras-chave: *Ananas*; LC-MS; banco ativo de germoplasma.

Agradecimentos: Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, USP, Embrapa Mandioca e Fruticultura, Embrapa Agroindústria Tropical, CNPQ, CAPES e FAPESP.



ANÁLISE DA IMPORTÂNCIA DA UTILIZAÇÃO E PRESERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Josiane Duarte de Carvalho^{1*}; Lucas Costa Ferreira²; Luís Guilherme Ramos Tavares³; Lucas Severo Gonçalves⁴; Jéssica Peres Pereira⁵

^{1,2,4}Estudantes de Zootecnia - Universidade Federal de Pelotas. ^{3,5}Estudantes de Agronomia - Universidade Federal de Pelotas. *josianedc@hotmail.com

Os recursos genéticos vegetais permitem que seja possível que se conheça a constituição genética de inúmeras espécies de plantas, desta forma, permitindo que se aprimore as características produtivas de inúmeras espécies. Sabe-se que nos primórdios, as produtividades vegetais de plantas forrageiras, por exemplo, apresentavam baixos valores, porém com o passar dos anos e com o auxílio do aprimoramento dos estudos voltados a essa área, as produtividades vêm aumentando à medida que os estudos avançam. Esse estudo teve como objetivo analisar a importância da utilização e preservação dos recursos genéticos vegetais. Certamente, sem a devida utilização e preservação dos recursos genéticos vegetais, as produtividades das plantas não seriam capazes de suprir as necessidades humanas e animais, especialmente produtividades de espécies consideradas forrageiras. Tendo em vista, que os recursos genéticos são o ponto inicial dos estudos, estão intimamente ligados ao melhoramento genético e buscam o máximo potencial das plantas, torna-se imprescindível a preservação de tais recursos e aprimoramento de estudos voltados ao tema. Esta temática tem ganhado maior visibilidade nos últimos tempos, além disso, profissionais melhoristas buscam cada vez mais aprimorar o uso de tais recursos, principalmente voltados para a produção de alimentos e pastagens. Sendo assim, a correta utilização e preservação dos recursos genéticos vegetais, permitirá que um maior número de genótipos melhorados geneticamente sejam incluídos aos bancos de germoplasma. Apesar da crescente evolução nos estudos voltados a essa área, ainda existem problemas ligados ao tema, como por exemplo, a vulnerabilidade genética das espécies, custos e baixo acesso aos genótipos presentes nos bancos de germoplasma. Porém, apesar disso, com a utilização destes genótipos melhorados já existentes nos bancos, ocorrerá um aumento na eficiência das produtividades vegetais, produção de espécies mais adaptadas ao ambiente na qual estarão inseridas e assim será possível suprir as demandas, tanto animais quanto humanas.

Palavras-chave: Forrageiras; germoplasma; melhoramento.

Agradecimentos: UFPel.



DIMENSÕES DOS FOLÍOLOS DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO

Lucas Vinicius Sousa de Alcantara¹; Leticia Lunardi¹; Rodrigo Evers¹, Ana Claudia Schillemer dos Santos¹, Larissa Yuki Terada¹ e Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: lucas.alcantara@gmail.com

A caracterização morfológica de genótipos de feijão é uma etapa importante para a identificação e manutenção de características que podem ser exploradas por programas de melhoramento genético na obtenção de novas cultivares. Variedades crioulas de feijão apresentam grande variabilidade genética, tornando-se interessantes para o desenvolvimento de novas variedades comerciais portadoras de características desejáveis. Neste estudo, foram caracterizadas as dimensões dos folíolos de 40 variedades de feijão comum (31 variedades crioulas e 9 variedades comerciais) para a identificação de variedades que podem ser utilizadas em programas de melhoramento. O experimento foi desenvolvido durante a safra de 2018, na Unidade de Ensino e Pesquisa (UNEP) de Culturas Anuais da Universidade Tecnológica Federal do Paraná Câmpus Dois Vizinhos (UTFPR-DV), localizada no sudoeste do Paraná. A adubação de base foi realizada no sulco da semeadura com o uso de plantadeira utilizando 350 kg.ha⁻¹ da fórmula N-P-K (05-20-20). A adubação de cobertura foi de 200 kg.ha⁻¹ na forma de ureia no estágio V4. O controle de pragas e plantas daninhas foram realizados com base em recomendações técnicas para a cultura. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com três repetições, onde as parcelas foram compostas por duas linhas de quatro metros cada e separadas por 0,45 m, totalizando 3,6 m² de área útil. A densidade de plantas utilizada foi de 20 sementes.m⁻¹ as quais foram manualmente dispostas em cada parcela. Dessa maneira, o estande final esperado foi de 355.000 plantas.ha⁻¹. As dimensões dos folíolos centrais (DFC) foram estimadas com relação ao comprimento (C) e largura (L) em centímetros das 40 variedades de feijão. A variedade Maronze apresentou a maior dimensão de folíolo central, com comprimento de 14,9 cm e largura de 9,2 cm. As variedades Chumbinho Preto Lustroso, Pardinho Mineiro, Campos Gerais e Taquara destacaram-se com relação a dimensão do folíolo central, com comprimento de 14,0, 13,1, 12,6 e 12,1 e largura de 9,3, 8,8, 8,1 e 8,1 respectivamente. A variedade Carijó apresentou a menor dimensão de folíolo central, com comprimento de 7,9 cm e largura de 5,9 cm. Demonstrou-se a presença de variabilidade para essa característica evidenciando o potencial de algumas variedades estudadas com relação a dimensão do folíolo central para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, descritores morfológicos, germoplasma tradicional.

Agradecimentos: UTFPR Campus Dois Vizinhos pelo aporte financeiro.



CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE ACESSOS DE UVAS PARA VINHO DO GERMOPLASMA DE *Vitis* spp. DO INSTITUTO AGRONÔMICO

Cinthia Souza Rodrigues^{1*}; Mara Fernandes Moura²; Geovani Luciano de Oliveira³; José Luiz Hernandez²; Armando Reis Tavares²; Joana Aparecida do Ribeiro⁴.

¹Instituto Agronômico de Campinas. ²Instituto agronômico, centro de frutas, Jundiaí.

³Universidade Estadual de Campinas. UNESP, Ilha Solteira. *E-mail do autor apresentador: cinthia.rodrigues@iac.sp.gov.br

No melhoramento genético é de grande importância o conhecimento da associação entre os caracteres avaliados, principalmente para a seleção indireta, caso algum caráter de interesse apresente baixa herdabilidade e, ou, seja de difícil medição e identificação. A correlação simples ou de Pearson, permite avaliar a magnitude e o sentido das relações entre dois caracteres. O objetivo com este trabalho foi verificar a correlação entre as principais características avaliadas no germoplasma de uva para vinho. Foram avaliados 54 acessos de videira procedentes da coleção de uvas para vinho do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Vitis* spp. do Instituto Agronômico (IAC). Cada acesso é composto por três plantas que foram conduzidas em espaldeira. Para a avaliação dos caracteres morfoagronômicos, no momento da colheita, foram coletados os dados: massa fresca; comprimento e largura do cacho; massa fresca, comprimento e largura da baga; massa fresca do engaço, teor de sólidos solúveis totais, pH, acidez total titulável e ratio (relação SS/AT). Nas estimativas das correlações de Pearson entre os caracteres estudados, observou-se alta correlação positiva e significativa entre o comprimento/largura do cacho e a massa fresca do cacho e do engaço, indicando que quanto maior os cachos, maior será a massa do cacho e do engaço. Resultados semelhantes também foram observados quando avaliaram as bagas, ou seja, bagas maiores apresentaram maior massa fresca da baga. Além disso, as variedades de uva para vinho que apresentaram maior massa dos cachos também apresentaram maiores teores de sólidos solúveis. Geralmente os maiores teores de sólidos solúveis são obtidos quando as videiras apresentam menores bagas. É comum a correlação negativa entre esses caracteres, mas neste trabalho, para os acessos avaliados, essa relação foi negativa, de baixa magnitude e não significativa. Houve associação positiva entre ratio e pH e negativa entre ratio (SS/AT) e a acidez titulável. O pH e a acidez são características importantes para manter a qualidade do vinho. Contudo, por meio da associação de caracteres agronômicos é possível realizar a seleção simultânea de duas ou mais características, pela seleção em apenas uma destas.

Palavras-chave: Associação, Pearson, Seleção indireta.

Agradecimentos: Capes, CNPq, FAPESP.



CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DE ACESSOS DE AMEIXA JAPONESA PERTENCENTES AO BAG-AMEIXA DO IDR-PARANÁ

Flávio Corrêa de Carvalho^{1*}; Clandio Medeiros da Silva²; André Luiz Oliveira de Francisco³; Daniel Mocelin Silveira⁴; Daniel Soares Alves⁵; Flávio Henrique Alves da Silva⁶; Allusenna Valentini Barbieri⁷

1; 2; 4; 3; 5; 7IDR-Paraná. ⁶UNIFIL. *flavio_sjbv@hotmail.com.

A diversidade genética de acessos de ameixeira presente em um banco ativo de germoplasma (BAG-Ameixa), permite a seleção de genótipos com características agrônomicas desejáveis em relação as propriedades físico-químicas dos frutos e a sua similaridade ou superioridade a essas propriedades em comparação com cultivares já registradas. Portanto, objetivou-se constatar as variações entre as características físico-químicas de acessos de ameixeira japonesa pertencentes ao BAG-Ameixa do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR - EMATER (IDR-Paraná). O trabalho foi realizado no Polo de Pesquisa e Inovação do IDR-Paraná em Ponta Grossa, na safra de 2019/20. Os tratamentos delimitados foram quatro genótipos oriundos de cruzamentos realizados pelo IDR-Paraná (PR-1095, PR-1261, PR-1177 e PR-1143) e a cultivar Fortune. Para isso foram coletados 20 frutos em estágio final de maturação por tratamento, em um delineamento inteiramente casualizado, com cinco tratamentos e quatro repetições, compostas por cinco frutos cada. Fisicamente, os frutos foram avaliados em relação a massa média de fruto inteiro (MMFI) em gramas (g), diâmetro médio horizontal (DMH) em centímetros (cm) e diâmetro médio vertical (DMV) em cm. Quimicamente, os teores de açúcares redutores e totais foram analisados. As análises estatísticas foram realizadas pelo software Rstudio, com emprego do teste de Tukey ($p < 0,05$) para a comparação de médias. O genótipo PR-1095 foi superior significativamente aos demais acessos em todas as variáveis físicas analisadas, apresentando 74,7 g para MMFI, 5,2 cm para DMH e 5,3 cm para DMV. Para os açúcares totais, os valores variaram entre 0,3379 e 0,1099 de absorvância no espectrofotômetro, sendo o genótipo PR-1261 que apresentou o maior valor e o PR-1177 o menor. Na variável açúcar redutor, o genótipo PR-1095 obteve o menor valor com 0,1053 de absorvância, não havendo diferenças significativas entre os demais acessos. O genótipo PR-1095 apresentou características físicas superiores a cultivar Fortune, sendo um material interessante na seleção de genótipos de ameixeira japonesa como recurso genético ou para o Registro Nacional de Cultivares. O genótipo PR-1261 mesmo com características físicas inferiores, é promissor quanto aos teores de açúcares redutores e totais em seus frutos, sendo um material genético relevante para o melhoramento genético da ameixeira japonesa.

Palavras-chave: Banco ativo de germoplasma; Seleção de genótipos; Melhoramento genético.

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão da bolsa e ao IDR-Paraná pela estrutura na realização do experimento.



CICLO FENOLÓGICO DE ACESSOS DE AMEIXEIRA JAPONESA PERTENCENTES AO BAG-AMEIXA DO IDR-PARANÁ

Flávio Corrêa de Carvalho^{1*}; Clandio Medeiros da Silva²; André Luiz Oliveira de Francisco³; Daniel Mocelin Silveira⁴; Gislaine Gabardo⁵; Allusenna Valentini Barbieri⁶

1; 2; 3; 4; 5; 6 IDR-Paraná. *flavio_sjbv@hotmail.com

Um banco ativo de germoplasma (BAG-Ameixa) pode apresentar grande variabilidade genética de acessos de ameixeira japonesa, favorecendo a seleção de genótipos de acordo com a sua necessidade de frio hibernal, o que colabora com a adaptação e cultivo desta cultura em diferentes locais. Nesse sentido, a finalidade deste trabalho foi caracterizar o ciclo fenológico de diferentes acessos de ameixeira presentes no BAG-Ameixa do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR - EMATER. As avaliações fenológicas foram realizadas duas vezes por semana no BAG-Ameixa conduzido dentro das instalações do Polo de Pesquisa e Inovação do IDR-Paraná, situado em Ponta Grossa-PR. Foram avaliados três genótipos provenientes de cruzamentos dirigidos pelo IDR-Paraná (PR-1013, PR-1095 e PR-1027) e duas introduções (FLA 86-2 e BY 81-8850) entre as safras de 2013/14 a 2018/19 totalizando seis safras. Para isso, quatro plantas de cada acesso foram avaliadas quanto ao ciclo total desde o florescimento até maturação final de frutos, além das datas de início de florescimento e colheita dos frutos. O ciclo médio total nas seis safras analisadas foi de 132,5, 116,3, 110,8, 104,0 e 96,2 dias para os acessos PR-1013, FLA 86-2, BY 81-8850, PR-1095 e PR-1027, respectivamente. Pode-se citar que os maiores ciclos totais dos acessos aconteceram na safra de 2015/16, ano em que houve o menor número de horas de frio (48 horas $\leq 7,2^{\circ}\text{C}$). Quanto as datas de início de florescimento, a introdução FLA 86-2 foi o acesso com florada mais precoce, ocorrendo entre os dias 05 a 12 de julho das respectivas safras, sendo o genótipo PR-1013 com o florescimento mais tardio, que variou de 27 de julho a 11 de setembro nas safras avaliadas. Os acessos FLA 86-2 e PR-1013 foram os que apresentaram data de colheita mais precoce e tardia, respectivamente, sendo realizada entre 25 de outubro e 14 de novembro para a introdução FLA 86-2, e 01 de dezembro a 08 de janeiro para o genótipo PR-1013, nas respectivas safras. Na classificação dos acessos em relação ao ciclo total, desde o início do florescimento até sua colheita, os genótipos PR-1095 e PR-1027 foram classificados como de ciclo precoce, as introduções FLA 86-2 e BY 81-8850 como ciclo médio e o genótipo PR-1013 como ciclo tardio. Essas informações são importantes na seleção de acessos promissores como recurso genético no melhoramento da ameixeira japonesa, como também para o escalonamento da produção de frutos nas recomendações para a implantação de pomares.

Palavras-chave: *Prunus salicina* Lindl.; Fenologia; Melhoramento genético.

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão da bolsa e ao IDR-Paraná pela estrutura na realização do experimento.



AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE AMIDO DE ARARUTA ORIUNDO DE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFMT NO NORTE DO MATO GROSSO

Carlos Eduardo Garcia Medeiros^{1*}; Douglas Rafael Dreher¹; Afonso da Silva Oliveira¹; Lucas Rodrigues Versari¹; Quélen de Lima Barcelos¹; Maurício Farias Couto¹

¹Universidade Federal de Mato Grosso. *carlosemedeiros@outlook.com

Originária da América do Sul, a araruta (*Maranta arundinacea*) foi cultivada pelos índios há mais de 7000 anos atrás, sendo considerada um dos vegetais mais cultivados nas roças de índios amazônicos nas terras baixas da América do Sul. O cultivo da araruta no Brasil sempre foi realizado principalmente por agricultores familiares, devido a concorrência com outras culturas que também produziam amido a nível industrial, os povos originários e os agricultores foram abandonando o seu cultivo chegando a risco de extinção. O objetivo deste trabalho é avaliar a produção de amido de araruta de diferentes acessos do banco de germoplasma da UFMT no Norte do estado de Mato Grosso. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Mato Grosso-Campus de Sinop. Para a implementação do experimento foi utilizado sete acessos, sendo eles: CO-1, CO-2, RO-1, UCDB-1, UCDB-2, UCDB-3 e a cultivar comum. Todos os acessos são oriundos do banco de germoplasma da UFMT Campus de Sinop. Os rizomas selecionados foram preparados, sendo retiradas as escamas e seccionados, de modo que todas os propágulos continham 6 gemas germinativas. Em seguida, os propágulos foram plantados verticalmente em vasos de 3 litros com substrato orgânico. O delineamento experimental implantado foi o de blocos inteiramente casualizados com 4 repetições, sendo cada repetição formada por uma parcela com 5 plantas, o experimento inicialmente foi conduzido na casa de vegetação até a germinação dos acessos e logo após foi transferido para canteiros a campo com irrigação por aspersão. A maior produção média de amido (1947g) ficou a cargo do acesso UCDB-2, enquanto a menor média foi expressa pelo acesso CO-1(640g). Os tratamentos diferiram estatisticamente ($p < 0,01$) demonstrando haver diferenças entre os acessos em relação a produção de amido, o teste de Skott-Knott formou dois grupos, o primeiro agregou os acessos UCDB-1,UCDB2 e UCDB-3, os quais apresentaram as maiores médias e o segundo grupo formado pelos demais acessos. Os acessos UCDB-1,UCDB2 e UCDB-3 avaliados na região Norte do estado de Mato Grosso apresentaram as maiores produções de amido.

Palavras-chave: *Maranta arundinacea*, amido, germoplasma.



AVALIAÇÃO DA PRODUTIVIDADE EM FUNÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE ACESSOS DE ARARUTA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFMT NO NORTE DO MATO GROSSO

Carlos Eduardo Garcia Medeiros^{1*}; Afonso da Silva Oliveira¹; Douglas Rafael Dreher¹; Lucas Rodrigues Versari¹; Philip Gomes Henning¹; Quélen de Lima Barcelos¹; Maurício Farias Couto¹

¹Universidade Federal de Mato Grosso. *carlosemedeiros@outlook.com

A araruta (*Maranta arundinaceae*) é uma planta rústica da família das marantáceas, originária da América do Sul está distribuída por quase todo o Brasil. Essa planta já era utilizada a muito tempo pelos indígenas como fonte de carboidrato com produção da farinha a partir dos rizomas da planta, que produz um amido de alta qualidade e desprovido de glúten. Devido à concorrência com outras plantas produtoras de amido estabelecidas a nível industrial como o trigo e a mandioca, a araruta deixou de ser amplamente cultivada no Brasil, fazendo com que a mesma corresse o risco de ser extinta. O objetivo deste trabalho é avaliar as variáveis morfoagronômicas correlacionadas com a produtividade dos acessos de araruta no Norte do estado de Mato Grosso. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Mato Grosso-Campus de Sinop. Para a implementação do experimento foi utilizado sete acessos, sendo eles: CO-1, CO-2, RO-1, UCDB-1, UCDB-2, UCDB-3 e a cultivar comum. Todos os acessos são oriundos do banco de germoplasma da UFMT Campus de Sinop. Os rizomas selecionados foram preparados, sendo retiradas as escamas e seccionados, de modo que todas os propágulos continham 6 gemas germinativas. Em seguida, os propágulos foram plantados verticalmente em vasos de 3 litros com substrato orgânico. O delineamento experimental implantado foi o de blocos inteiramente casualizados com 4 repetições, sendo cada repetição formada por uma parcela com 5 plantas, o experimento inicialmente foi conduzido na casa de vegetação até a germinação dos acessos e logo após foi transferido para canteiros com irrigação por aspersão. As variáveis morfo-agronômicas mensuradas foram: comprimento, diâmetro, peso e número de rizomas (NR). Todos os acessos produziram rizomas, porém o acesso UCDB-2 se mostrou o mais produtivo obtendo média de 178 rizomas por parcela e também com a maior média de peso com 9,93kg de rizomas, enquanto o acesso CO-1 obteve as menores médias de NR e peso entre todos os acessos com uma produção média de 67 rizomas por parcela e pesando 3,658kg em média. No que se diz respeito ao diâmetro e comprimento os acessos apresentaram valores médios similares. A variável comprimento não apresentou significância estatística, enquanto as variáveis diâmetro, peso e NR diferiram estatisticamente ao nível de 1%. Aplicação do teste Skott-Knott estabeleceu dois grupos, os acessos UCDB-1, UCDB-2 e UCDB-3 com maiores médias diferindo-se dos outros acessos para as características de NR e peso, quanto ao diâmetro os acessos RO-1, CO-2 e COMUM formaram um grupo para esta característica com maiores médias. Os acessos UCDB-1, UCDB-2 e UCDB-3 foram os melhores avaliados para a maioria das características morfo-agronômicas na região Norte do estado de Mato Grosso.

Palavras-Chave: *Maranta arundinacea*, avaliação, germoplasma.



CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E DE PRODUTIVIDADE DA PALMEIRA *Acrocomia totai* Mart. – UMA ALTERNATIVA DE EXTRATIVISMO E CULTIVO SUSTENTÁVEL

Suelen Alves Vianna¹, Helen Liepkan Maranhão Domenech², Rosa Helena da Silva³, Carlos Augusto Colombo¹, Arnildo Pott⁴

¹Centro de Pesquisa & Desenvolvimento de Recursos Genéticos Vegetais - Instituto Agrônomo de Campinas. ² Graduação em Ciências Biológicas – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS). ³ Pós-Graduação em Biotecnologia e Biodiversidade, Instituto de Biociências – INBIO- UFMS. ⁴INBIO- UFMS * suelen.loesch@gmail.com

A palmeira *Acrocomia totai* facilmente reconhecida pela presença de espinhos no estipe, pode ser encontrada formando maciços em áreas do Cerrado e Pantanal no estado de Mato Grosso do Sul e norte do Paraná como também em áreas da Argentina, Bolívia e Paraguai. Os frutos da espécie são nutricionalmente ricos e com alto teor de óleo na polpa e na amêndoa, sendo utilizados por comunidades indígenas, tradicionais e rurais como meio de subsistência ou como fonte de renda pela comercialização da polpa fresca ou da farinha e do óleo da amêndoa. Da importância da caracterização de recursos genéticos nativos foi realizada a avaliação de caracteres morfológicos (número, tamanho, formato, cor e outros caracteres de órgãos vegetativos e reprodutivos) e agrônômicos (caracteres relativos aos frutos e teor de óleo na polpa) e a estimativa da densidade populacional em duas fisionomias do Pantanal. Foi encontrado variação em todos os caracteres morfológicos analisados, tais como, a densidade de espinhos no estipe e na raque foliar, no comprimento (1.52–3.68 cm) e a coloração das folhas (verde, verde-amarelado, verde-escura, verde brilhante) e a cor do epicarpo (alaranjada, amarela, amarela escura, parda, verde, verde amarelada, verde escura) e do mesocarpo (amarelo, alaranjado, branco, pardo, rosado, vermelho). Os caracteres agrônômicos analisados também apresentaram variação. O número de frutos por cacho variou de 138–805 (392.30 ± 134.53), a massa fresca (MF) de um fruto inteiro de 7.31–23.63 g (15.50 ± 3.87), MF do mesocarpo de 1.07–7.98 g (3.45 ± 1.62) e o teor de óleo no mesocarpo de 1.19–34.70% (14.94 ± 8.06). A grande variação encontrada indica possibilidade de seleção de plantas mais produtivas em programas de melhoramento. A densidade populacional de *A. totai* variou de 48 pls.ha⁻¹ em área de ‘campo sujo’ a 287 pls.ha⁻¹ em áreas de ‘campo limpo’. Em termos de produtividade, estima-se a produção (por hectare) de 8.65 t de frutos, 4.77 t de polpa e 270 kg de óleo em áreas de ‘campo sujo’ e, 1.45 t de frutos, 0.8 t de polpa e 50 kg de óleo em áreas de ‘campo limpo’, podendo ser bastante incrementado pelo aumento da densidade em populações naturais ou pela seleção e plantio dos indivíduos mais produtivos. Os dados morfológicos e as estimativas de produção levantados demonstram a possibilidade de exploração rentável da espécie via extrativismo, cultivo solteiro ou em sistemas de integração. Ademais, as diferenças morfológicas encontradas são úteis à taxonomia do gênero e a programas de conservação.

Palavras-chave: Arecaceae, fruto nativo; pré-melhoramento vegetal

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP 2017-20381-0) pelo financiamento da primeira autora.



ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS PARA CARACTERES AGRONÔMICOS DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO COMERCIAL CARIOCA

Ana Caroline Mello Arevalo^{1*}; Deisy Lúcia Cardoso¹; Dthenifer Cordeiro Santana¹; Stefanie Braga Duarte Arguelho¹; Isadora Luciano de Andrade¹; Agenor Martinho Correa¹.

¹Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. *amelloarevalo@gmail.com

O conhecimento da associação entre caracteres agronômicos e genótipos é de grande importância nos trabalhos de melhoramento genético. Com isso o objetivo do trabalho foi caracterizar genótipos por seus caracteres agronômicos, por meio da análise de componentes principais, utilizada para filtrar as informações consideradas relevantes, contidas no conjunto original de variáveis em conjuntos de menores dimensões. O experimento foi conduzido na Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul em Aquidauana, com 22 genótipos de feijoeiro comum entre cultivares e linhagens procedentes da Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa Arroz e Feijão (CNPAF), em delineamento em blocos casualizados com três repetições. Os genótipos utilizados foram: ANFC9; BRS Estilo; BRS FC402; BRSMG Uai; IPR Campos Gerais; Pérola; CNFC 16183; CNFC 16484; CNFC 16495; CNFC 16496; CNFC 16497; CNFC 16522; CNFC 16548; CNFC 16558; CNFC 16561; CNFC 16562; CNFC 16563; CNFC 16564; CNFC 16566; CNFC 16567; CNFC 16611 e CNFC 16636. Avaliou-se os caracteres agronômicos de altura de planta (ALP); altura de inserção de primeira vagem (AIV); número de ramificações secundárias por planta (NRP); número de vagem por planta (NVP); número grãos por vagem (NGV); massa de cem grãos (MCG) e produtividade de grãos (PRD). Os dados foram submetidos a análise de componentes principais agrupando os indivíduos similares por meio de um gráfico GGE biplot. Com os resultados da análise, pode-se inferir que os genótipos CNFC 16548 e CNFC 16566 estão relacionados com os caracteres PRD, NVP e NRP. Os caracteres ALP e AIV estão diretamente relacionados com os genótipos CNFC 16562, CNFC 16522, CNFC 16497, CNFC 16183, IPR Campos Gerais, CNFC 16563, ANFC09. Os genótipos Pérola e CNFC 16567 expressaram também a variável AIV. Já os genótipos CNFC 16564, CNFC 16636, BRS Estilo, CNFC16484 e CNFC 16611 estão relacionados com as variáveis NGV e MCG. As variáveis destacadas em cada genótipo implicam forte relação entre elas, ou seja, esses genótipos podem ser utilizados em programas de melhoramento que buscam realçar tais caracteres. A utilização de componentes principais identifica associações entre as variáveis agronômicas analisadas e os genótipos estudados, resultando na possibilidade de descartar caracteres de pouca contribuição para a discriminação dos genótipos avaliados e, dessa forma, reduzir mão de obra, tempo e custos nos programas de melhoramento genético em feijoeiro.

Palavras-chave: Análise multivariada; GGE biplot; *Phaseolus vulgaris* L.

Agradecimentos: À Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa Arroz e Feijão (CNPAF).



DIVERSIDADE GENÉTICA DE *GOSSIPYUM BARBADENSE* COLETADOS EM AQUIDAUANA, MATO GROSSO DO SUL

Isadora Luciano de Andrade¹; Ana Caroline Mello Arevalo^{1*}; Deisy Lúcia Cardoso¹; Dthenifer Cordeiro Santana¹; Ariély de Souza Leite¹; Stefanie Braga Duarte Arguelho¹; Tauan Corrêa Gonçalves¹; Rafael Santos da Silva¹.

¹Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. *amelloarevalo@gmail.com

O Brasil é considerado centro de diversidade genética da espécie *Gossypium barbadense* conhecido como algodão silvestre, sendo encontrada em quase todo território brasileiro, inclusive na planície pantaneira. A preocupação com a conservação dos recursos genéticos desta espécie ganhou relevância após a liberação para plantio de cultivares transgênicas da espécie *Gossypium hirsutum* (algodão comercial), pois há a possibilidade de fluxo gênico. É de fundamental importância conhecer a diversidade genética das populações de *G. barbadense* bem como a sua distribuição geográfica, visando tanto a inserção em programas de melhoramento de *G. hirsutum*, como estratégias para conservação do nosso patrimônio genético. Com isso o trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética de acessos de *G. barbadense* encontradas na cidade de Aquidauana, Mato Grosso do Sul. Durante as pesquisas foram amostradas nove populações naturais, caracterizadas com base nos descritores adotados pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC). Foram realizadas a caracterização geográfica e fenológica os acessos foram classificando por expedições. Após a caracterização coletou-se 20 amostras de fibras e sementes de cada planta fazendo mensuradas massa da fibra mais a semente (MC), massa da semente (MS): Massa da fibra (MF), Comprimento da semente (CR e CS), Largura da semente (LR e LS). As populações foram avaliadas por meio da distância euclidiana média e posterior agrupamento dos indivíduos. A maior distância euclidiana (31,26) ocorreu entre as populações 1 e 2 e a menor (3,24) entre as populações 6 e 9. Verifica-se que as populações 6 e 9 apresentam aparência fenotípica próxima por pertencer ao mesmo grupo, com a menor distância, os acessos 1 e 4 também mostram características fenotípicas parecidas. Ressaltando que os acessos 6 e 9 e 1 e 4 encontram-se em localidades de diferentes e distantes. Foi constatado grande diversidade genética entre as populações, no entanto, um quarto das populações amostradas foram coletadas em terrenos baldios, onde estão em situação de vulnerabilidade, correndo grande risco de erosão genética. Isso demonstra a necessidade de conservação da espécie ex situ visando garantir a preservação dos recursos genéticos existentes e intensificar as pesquisas, coletas e avaliações desse algodão.

Palavras-chave: Algodão silvestre; Conservação; Recursos genéticos.

Agradecimentos: CAPES e CNPQ por concessão de bolsas e a UEMS pela oportunidade de realização do trabalho.



DIVERSIDAD DE MAÍZ (*Zea mays* L.) raza Canguil en la provincia de Imbabura-Ecuador

DIVERSITY OF CANGUIL, RACE OF MAIZE (*Zea mays* L.) AT IMBABURE STATE OF ECUADOR

Lidia Castañeda¹; Doris Chalampiente-Flores^{*1}; Julia Prado-Beltrán¹; Ima Sánchez de Céspedes¹; María José Romero¹

¹Universidad Técnica del Norte-Ecuador

ldcastanieda@utn.edu.ec; dschalampiente@utn.edu.ec; jkprado@utn.edu.ec; issanchez@utn.edu.ec; mjromero@utn.edu.ec

RESUMEN

Los Andes ecuatorianos es uno de los centros de origen y diversificación de una amplia diversidad agrícola; el maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos de mayor importancia para la seguridad alimentaria, presenta además una amplia variabilidad genética. En las últimas décadas se ha presentado una mayor incidencia de erosión genética en maíces criollos como el canguil o maíz palomero, estas pérdidas se deben al incremento de cultivos con variedades comerciales de mayor rendimiento, o a la importación del grano para consumo, por lo que cada vez es más difícil encontrar estos cultivos en la chacra de los agricultores. Con estos antecedentes el objetivo de esta investigación fue evaluar la diversidad genética de maíz a nivel de la provincia de Imbabura, para lo cual se colectó germoplasma en dos ferias de semillas (Cotacachi y Otavalo), y a través de descriptores morfológicos se caracterizó el germoplasma. En total se colectaron 55 accesiones y se empleó 25 descriptores morfoagronómicos (15 cuantitativos y 10 cualitativos). A través del análisis de conglomerados se identificó cuatro grupos a una distancia máxima de 1.33. Los grupos 1, 2, 3 y 4 están integrados por 13, 15, 21 y 6 accesiones respectivamente, además se determinó la presencia de 17 morfotipos; se identificó variación en colores así el Grupo 1 presentó granos en tonalidades rojo, el Grupo 2 presentó variación de colores, el Grupo 3 conglomeró accesiones con granos en tonos amarillo y anaranjados y el Grupo 4 agrupó materiales con granos de colores amarillos, anaranjados y rojos oscuros; respecto a las características cuantitativas, el tamaño de la mazorca osciló entre 10.23 y 11.69 cm, el peso de 100 semillas varió entre 20.35 y 28.71 g, y el 83% de las accesiones presentan características de un grano reventador. Con respecto a plagas hubo presencia de *Spodoptera frugiperda*, J.E. Smith y *Helicoverpa zea* (Boddie), sin embargo, no hubo diferencias significativas. En cuanto a enfermedades foliares *Phytophthora infestans* (Mont) estuvo presente a inicios de floración en un 89% de severidad a nivel de los cuatro grupos conformados, mientras que *Phyllachora maydis* Maubl provocó daño al 4% de la población. Finalmente, se determinó que 22 accesiones independientemente del color de grano pueden ser considerados materiales promisorios ya que el porcentaje de reventado supera el 70%, materiales que podrían ser usados para procesos de mejoramiento genético.

Palabras clave: erosión genética, biodiversidad, maíz palomero, conservación ex situ.



ABSTRACT

Ecuadorian Andes is one of the centers of origin and diversification of a wide agricultural diversity. Corn (*Zea mays* L.) is one of the most important crops for food security, it also has a wide genetic variability. In recent decades, there has been a higher incidence of genetic erosion in native corn, such as canguil or popcorn, the increase of commercial varieties of higher yield and grain imports has promoted these loss of materials, thus, it is difficult to find these crops in the farmer fields. The main objective of this research was to evaluate the genetic diversity of maize at Imbabura State. Germplasm was collected in two seed fairs (Cotacachi and Otavalo) about 55 accessions were collected and 25 morphoagronomic descriptors were used (15 are quantitative and 10 are qualitative). Across cluster analysis, four groups were identified at a maximum distance of 1.33. Groups 1, 2, 3 and 4 are integrated of 13, 15, 21 and 6 accessions respectively. In addition, 17 morphotypes was determined. The cluster analysis discriminated four groups and 17 morphotypes, variation in colors was identified, Group1 presented red tones in grains; Group 2 presented variation of color; Group 3 showed yellow and orange grain; and Group 4 include materials with dark yellow, orange and red colors grains. On the other hand, for quantitative characteristics, the size of the ear ranged between 10.23 and 11.69 cm, the weight of 100 seeds varied between 20.35 and 28.71 g, and 83% of the accessions present characteristics for popcorn. It was also found the presence of *Spodoptera frugiperda* J.E. Smith and *Helicoverpa zea* (Boddie), however, there were no significant differences. The foliar diseases *Phytophthora infestans* (Mont) was present at the beginning of flowering in 89% severity in the four groups formed, while *Phyllachora maydis* Maubl caused damage to 4% of the plants. Finally, the research suggest that 22 accessions might be considered promising materials, taking into account grain color and kernels that pop exceeds 70%, these materials could be used for genetic improvement.

Keywords: genetic erosion, biodiversity, popcorn, ex situ conservation



ABORDAGEM MULTIVARIADA NA AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-FAVA

Eulilia Oliveira Machado^{1*}; Maria de Fátima Brito Vieira¹; Laís dos Santos Neri da Silva¹; Gabriel Viana Ferraz¹; Rafael da Costa Almeida¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Verônica Brito da Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *eulikia@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) devido ao seu alto teor proteico vem ganhando espaço com uma fonte alternativa de alimento e renda especialmente para os pequenos produtores. Com o propósito de conhecer a variabilidade morfológica do feijão-fava, para desenvolver medidas para sua conservação e uso em programas de melhoramento, objetivou-se avaliar a diversidade genética em 23 acessos de feijão-fava por meio do método de agrupamento. O experimento foi realizado no Departamento de Fitotecnia, CCA-UFPI, Teresina-PI. No período de junho de 2019 a agosto de 2020, em blocos casualizados com duas repetições. Os caracteres avaliados foram: dias para germinação, dias para floração, dias para maturação, comprimento, largura da vagem, comprimento, largura, número de sementes, número de lóculos da vagem. Os dados obtidos foram submetidos à distribuição de frequência, sendo estimada a divergência genética pelo método de agrupamento de UPGMA (Agrupamento Hierárquico da Ligação Média) com o emprego da distância de Gower, como medida de dissimilaridade por meio do pacote Cluster. Todas as análises foram realizadas por meio do programa estatístico R. Os histogramas confirmaram presença de variabilidade genética entre os acessos. Pelo agrupamento do UPGMA, verificou-se a formação de três grupos. Os indivíduos do Grupo 1, apresentaram os menores número de sementes e número de lóculos da vagem, respectivamente, como também de comprimento da vagem (40,13 mm), largura da vagem (12,3 mm), largura da semente (8,54 mm), e cor do fundo da semente sendo castanho claro. Enquanto, os acessos do Grupo 2 apresentaram comprimento de vagem superior aos demais grupos, tendo uma variação entre (44,63mm) a (95,41mm), esse grupo também se associou por possuir maior duração para dias de germinação e maturação, variando de 9 a 22 dias e 105 a 127 dias, respectivamente. Todos os acessos desse grupo exceto o BGP 995 que apresentou cor de fundo branca e padrão de tegumento da semente (apenas em volta da auréola). No Grupo 3, os acessos apresentaram cor padrão castanho claro ou laranja, cor vermelho e a segunda cor padrão vermelho escuro, sendo o grupo de maior largura da vagem. Conclui-se que os histogramas confirmam a presença de variabilidade genética entre os acessos, a partir dos caracteres largura de vagem e comprimento e largura de semente. O método UPGMA é eficiente na determinação da diversidade genética entre os acessos avaliados.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; histogramas; método de agrupamento.

Agradecimentos: UFPI



ESTUDOS ECOGEOGRÁFICOS DE ALECRIM-DE-VAQUEIRO (LAMIACEAE): UMA ESPÉCIE MEDICINAL DO SEMIÁRIDO

Edvan Assis de Oliveira^{1*}; Lenaldo Muniz de Oliveira²; Janine Pereira dos Santos³

¹Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, eo4001@gmail.com. ²Orientador, Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana. ³Graduanda em Engenharia Agrônoma pela Universidade Estadual de Feira de Santana.

O Semiárido brasileiro abriga uma rica e importante diversidade vegetal com amplas e diversas aplicações. Esta grande variabilidade de espécies vegetais é composta por importantes plantas de uso medicinal na produção e síntese de bioativos com atividades fitoterápicas. Plantas da família Lamiaceae tem despertado amplo interesse na comunidade científica pela fato de seu grande número de espécies com aptidão medicinal, de efeitos comprovadas na fitoterapia. Entre as espécies dessa família, se destaca a *Eplingiella fruticosa* (Salzm. Ex Benth. Harley & J.F.B. Pastore), anteriormente designada *Hyptis fruticosa* com inúmeras pesquisas que identificaram efeitos vasodilatador, antinociceptivo e larvicida em extratos aquosos das suas folhas. Como a exploração da espécie se dá de forma extrativista, existe um potencial risco de redução na variabilidade genética das populações, tornando assim, importante estudos e pesquisas que favoreçam ou incrementem programas de domesticações ou sua conservação. Objetivo do trabalho foi caracterizar o ambiente de desenvolvimento e estabelecimento da espécie, suas interações e correlações que permitam predizer atributos que possam ser usados em programas de melhoramento ou conservação. A identificação dos sítios de ocorrência da espécie foi realizado através do banco de dados biológicos Species Link (<http://splink.cria.org>) nas mesorregiões Centro-Norte Baiano, Nordeste Baiano e Metropolitana de Salvador do estado da Bahia e mesorregiões leste e agreste do estado de Sergipe. A partir das coordenadas geográficas (latitude e longitude) dos sítios de ocorrência natural da planta, foram realizados levantamentos de informações climáticas (altitude, temperaturas médias anual, precipitação média anual, Irradiação solar), bioma, fitofisionomia e dados geomorfológicos. Arquivos vetoriais com dados de clima, geomorfologia, fitofisionomia e solos foram obtidos dos sites do IBGE, INMET (Instituto Nacional de Meteorologia), INPE (Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais) e EMBRAPA e, em seguida, processados e sistematizados pelo software ArqGIS (Geographic Information System - GIS) versão 10.6, Sistema de coordenadas Datum South American (1969). A partir de amostras de solo coletadas *in situ* foram quantificadas as propriedades químicas (pH, P, K, Ca, Mg, Na, S, Al+H), Saturação de Base (SB), Saturação de Alumínio (% m), CTC, Matéria Orgânica (M.O) e micro nutrientes (Zn, Fe, Mn, Cu e B), e físicas (textura e granulométrica) que em seguida foram submetidos à análise de componentes principais (PCA), com auxílio do software R 3.6.0 (R Development Core Team, 2019). Os dados obtidos demonstram que o ambiente típico de ocorrência da espécie, caracteriza-se por solos arenosos, baixa fertilidade, elevada concentração e teor de alumínio. Possui uma plasticidade de adaptação, com presença nos domínios do bioma Mata atlântica (50%), Caatinga (32%) e na zona intermediária agreste (18%) dos dois estados, em uma larga faixa de tolerância às variantes de temperatura, chuva e altitude.

Palavras-chave: *Eplingiella fruticosa*; domesticação; ecogeografia; bioativos.



O AMBIENTE AFETA A VARIAÇÃO MORFOLÓGICA DAS ESPÉCIES? O CASO DO GÊNERO *Hohenbergia* SCHULT. & SCHULT.F (BROMELIACEAE)

Brayan Paiva Cavalcante^{1*}; Everton Hilo de Souza²; Leonardo M. Versieux³; Adriana P. Martinelli⁴

^{1,4} Universidade de São Paulo. ²Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

³Universidade Federal do Rio Grande do Norte. *brayanpaiva93@yahoo.com.br

Fatores intrínsecos e extrínsecos às espécies modulam de formas diferentes a diversificação das mesmas, sendo que, muitas vezes a capacidade de resposta dos indivíduos a diferentes estímulos ambientais pode levar a dispersão e, eventualmente, a especiação. As fitofisionomias possuem uma ampla complexidade de características ecológicas e biogeográficas e diferentes espécies respondem fisiologicamente de forma diferente a essa complexidade e esses traços muitas vezes são observados na morfologia das plantas que ali ocorrem. Este trabalho teve como objetivo avaliar se diferentes fitofisionomias vegetais afetam o padrão morfológico das espécies, utilizando o gênero *Hohenbergia* como modelo. Vale destacar que as espécies desse gênero apresentam grande potencial ornamental e paisagístico. Avaliaram-se características morfológicas de 41 espécies de *Hohenbergia* endêmicas da Bahia e construiu-se uma matriz de dados binários com 85 caracteres morfológicos, avaliados através de análise multivariada (PCoA + UPGMA) e correlacionados aos três fitofisionomias de ocorrência das espécies, Mata Atlântica (MA), Caatinga (CA) e Campos Rupestres (CR). O Dendograma de similaridade (UPGMA) revelou dois agrupamentos com baixa similaridade (< 35%) MA (ambiente úmido) & CA+CR (ambiente seco), além de sete subgrupos com características particulares. O scatterplot gerado pelo PCoA revelou resultados semelhantes, no qual os dois agrupamentos não se sobrepõem nem no eixo X (29%), nem em Y (22%), semelhante aos três subgrupos da MA, entretanto, os subgrupos de ambiente mais áridos aparecem sobrepostos. As principais características dos dois agrupamentos são: 1) MA – roseta crateriforme, médio a grande porte, folhas verdes e arqueadas (> 130 cm de comprimento) e inflorescências laxas e piramidais (200 cm altura) ou capituliformes (< 50 cm), 2) CA+CR – roseta lageniforme, pequeno porte, folhas amareladas e eretas (< 60 cm), inflorescências congestas e subcilíndricas (< 120 cm). Pela alta plasticidade que as espécies podem apresentar, optamos por qualificar apenas os agrupamentos maiores (MA [*Hohenbergia* sec. *Hohenbergia*] e CA + CR [*Hohenbergia* sec. *Catingicola*]), sendo necessárias características adicionais para aumentar a precisão dos sub-agrupamentos dentro de cada ambiente. Todavia, é possível observar que o ambiente pode selecionar a morfologia das espécies, levando a convergência: espécies de um mesmo ambiente mais semelhantes entre si do que em relação a espécies de outros ambientes.

Palavras-chave: Adaptações ecológicas, Caatinga; Morfometria.

Agradecimentos: Fapesp2018.08276-9; PROCAD 88881.068513/2014-01; PNPD/UFRB.



DINÂMICA E COMPOSIÇÃO DE NÉCTAR EM *Hohenbergia* Schult. & Schult.f. (Bromeliaceae) DA BAHIA, BRASIL

Brayan Paiva Cavalcante^{1*}; Everton Hilo de Souza²; Leonardo M. Versieux³; Adriana P. Martinelli⁴

^{1,4} Universidade de São Paulo. ²Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ³Universidade Federal do Rio Grande do Norte. *brayanpaiva93@yahoo.com.br

O néctar é uma das principais recompensas utilizadas pelas angiospermas para atrair polinizadores, sendo sua dinâmica um dos contribuintes para o isolamento reprodutivo, através da segregação por preferência alimentar. *Hohenbergia* é um gênero de bromélias bastante representativo na Bahia e com potencial para plantas ornamentais e paisagismo. A ausência de híbridos naturais é um indicativo de isolamento reprodutivo dessas espécies. O objetivo deste foi avaliar a dinâmica de néctar e concentração de sólidos solúveis totais e seu papel o isolamento reprodutivo. Foram estudadas 18 espécies de *Hohenbergia* endêmicas de Mata Atlântica (MA) e Caatinga (CA). Foram coletados néctar de 10 flores de três plantas diferentes previamente ensacadas para três tratamentos: 1) volume inicial e acumulado; 2) um efeito de retirada; 3) cinco efeitos de retirada; avaliados com auxílio de refratômetro digital e micro-seringas. Todas as espécies produziram néctar, com exceção de *H. rosea*, que produziu menos de 1 μL de néctar. A composição do néctar é similar entre as espécies (21,8 – 34,1 °Brix; 0,2 – 0,3 mg μL^{-1}), entretanto, o volume é significativamente diferente comparando-se espécies de MA e CA. Espécies de MA produzem até cinco vezes (67 μL) mais néctar do que as de CA (14 μL), afetando diretamente a quantidade de açúcares (MA – 14,9 mg/ CA – 3,8 mg) e calorias (MA – 59,6 kcal/ CA – 17,8 kcal) disponíveis por flor. O volume produzido tem seu pico no primeiro horário de antese e o acumulado ao longo do dia é inferior ao néctar disponível inicialmente. As espécies são capazes de voltar a produzir néctar ao longo da antese, mesmo após múltiplos efeitos de retiradas, porém, o volume de néctar disponível é sempre menor se comparado à extração anterior. Quando realizadas comparações entre os biomas, espécies de MA investem na produção de néctar para o primeiro visitante (~ 50 μL) e posteriormente produzem volume inferior a 1/5 do inicial, enquanto espécies de CA produzem quantidades semelhantes de néctar ao longo da vida da flor (~ 15 μL). A dinâmica do néctar em espécies de mesmo bioma é semelhante (convergente), significativamente diferente ambientes. Sugere-se como explicações que 1) o volume de néctar é reflexo da disponibilidade de água nos ambientes; 2) polinizadores de ambientes diferentes moldam a dinâmica do néctar (coevoluem); 3) a evolução das características do néctar demanda mais tempo do que outras barreiras reprodutivas, agindo de forma secundária para o isolamento das espécies.

Palavras-chave: Barreira reprodutiva; Caatinga; Polinização.

Agradecimentos: Fapesp 2018.08276-9. PROCAD 88881.068513/2014-01, PNPd/UFRB.



DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE *Melocactus conoideus* Buin. & Bred, ESPÉCIE CRITICAMENTE AMEAÇADA DE EXTINÇÃO

Anderson Carvalho Vieira^{1*}; Thalana Souza Santos Silva²; Lucas Amorim Silveira² Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva^{1,2}; Elisa Susilene Lisboa dos Santos^{1,2}

¹ Programa de Pós-graduação em Ciências Ambientais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

² Programa Multicêntrico em Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. *anderson_vieira2@hotmail.com.br.

Melocactus conoideus Buin. & Bred é um cacto globoso endêmico do sudoeste baiano, de ocorrência relatada no município de Vitória da Conquista, BA. A espécie é listada como criticamente ameaçada de extinção pela *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) devido a fragmentação ambiental e a comercialização ilegal de exemplares da espécie. Nos últimos anos, *M. conoideus* foi alvo de mobilizações que visam sua conservação, incluindo o aumento da base de conhecimento científico do ponto de vista ecológico e genético e intervenções para o aumento do número de indivíduos em uma reserva destinada à sua proteção. Contudo, *M. conoideus* carece de estudos genéticos para embasar estratégias de conservação. O objetivo desse estudo foi caracterizar a diversidade e estrutura genética de *M. conoideus* a partir de marcadores moleculares *Inter Simple Sequence Repeats* (ISSR). Amostras biológicas foram obtidas em três pontos distintos no município de Vitória da Conquista, BA, sendo um destes a Reserva Ambiental do *Melocactus conoideus* (RAMc). Amplificações de fragmentos de DNA genômico de 126 genótipos (53 oriundos da RAMc e 73 genótipos de propriedades particulares, com uma distância de cerca de 12km entre os pontos amostrados) foram realizadas no Laboratório de Genética Molecular Aplicada localizado na UESB, com 13 iniciadores ISSR pré-selecionados. Foram analisados 191 produtos de amplificação sendo 188 (97,7%) polimórficos. Foi encontrada diversidade genética moderada ao nível de espécie ($h = 0,29$), com uma variação significativa quando consideradas regiões protegidas, que apresentaram valores médios de diversidade menor ($h = 0,20$) do que regiões não protegidas ($h = 0,28$). A diferenciação genética entre populações teve valores médios de ($G_{ST} = 0,12$ e $\Phi_{PT} = 0,33$). Análise de variância molecular revelou que a maior parte da variação genética (67%) se encontra dentro das populações. A Análise de Coordenadas Principais revelou que os genótipos de *M. conoideus* formam dois grupos com os indivíduos oriundos da reserva de proteção apresentando homogeneidade para um único *pool* gênico, evidenciando a influência de regiões genômicas exclusivas de populações na estruturação genética da espécie. Esses resultados possuem potencial para auxiliar no planejamento do manejo visando a conservação genética da espécie.

Palavras-chave: Cactaceae; Cabeça de Frade; Variabilidade Genética

Agradecimentos: A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia e a UESB.



NÚMERO DE CROMOSSOMOS E ESTABILIDADE MEIÓTICA EM *Cattleya x fidelensis* (PABST; VAN DEN BERG) (ORCHIDACEAE:EPIDENDROIDEAE)

Joyce Lisboa da Silva^{1*}; João Victor da Silva Cremm¹; Celina de Medeiros Ragalzi¹; Neide da Silva¹; Liriana Belizario Cantagalli²; Andréa Beatriz Diverio Mendes¹

¹Universidade Estadual de Maringá (UEM). ²Centro Universitário Ingá. *E-mail do apresentador: joycelisboa43@gmail.com.

O comércio de orquídeas tem aumentado exponencialmente nos últimos anos. No Brasil, as orquídeas são a segunda planta ornamental mais comercializada. *Cattleya fidelensis* Pabst (1967) Van den Berg (Orchidaceae: Epidendroideae) é uma orquídea natural do Rio de Janeiro pouco conhecida devido ao pequeno número de exemplares e por ser de difícil cultivo nas diferentes regiões do país. A origem de *C. fidelensis* é bastante controversa, mas existe a hipótese, baseado em características morfológicas, de que ela seja um híbrido natural oriundo do cruzamento das espécies *C. perrinii* Lindl. e *C. bicalhoi* Van Den Berg (2008) ou *C. dayana* (Rchb.f) Chiron & V.P.Castro (2002). Estudos citogenéticos proporcionam a compreensão de aspectos de filogenia, taxonomia, evolução cromossômica e melhoramento genético. Poucos são os relatos sobre meiose em orquídeas por serem, na sua maioria, perenes, com cromossomos pequenos e produzirem poucos botões. Análises do comportamento meiótico são importantes para ajudar na elucidação da possível origem híbrida em diferentes espécies. Portanto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o comportamento meiótico de três plantas de *C. fidelensis*. Para a observação da meiose, políneas foram retiradas de botões coletados em diferentes estágios e fixados com Carnoy 3:1, seguido do preparo de lâminas pela técnica de esmagamento e coloração com carmim propiônico 1%. As imagens mais representativas foram capturadas através do microscópio óptico Olympus CX 31, câmera SC 30 pelo programa AnalySIS getIT. O número cromossômico foi determinado em diacinese, em apenas uma única réplica, porém em botões diferentes. Foi observada uma variação entre 30 e 36 bivalentes, sendo que houve uma predominância de células com 36 bivalentes (39,28%). Citótipos diferentes em uma mesma população de orquídeas são comuns. A partir da análise das tétrades de micrósporos, de três réplicas, foram observadas altas porcentagens de normalidade, variando de 86,9% a 96,18%. Este resultado sugere que *C. fidelensis* tem alta estabilidade meiótica. A baixa frequência de anormalidades nas tétrades e a formação de associações cromossômicas bivalentes nas diacineses não descarta a possível origem híbrida desta orquídea. Espécies relacionadas podem formar bivalentes e apresentar segregação meiótica normal devida alta similaridade entre os cromossomos.

Palavras-chave: Citogenética vegetal; Meiose; Orchidaceae.

Agradecimentos: Capes.



IDENTIFICAÇÃO DE CULTIVARES DE SORGO GRANÍFERO ADAPTADOS A REGIÃO DE IMPERATRIZ, MA

Caio Vitor Sucupira de Melo¹; EuzyWesterleya Rocha Sousa²; Gabriel Souza Santos²; Larissa Aguiar Alves²; Victor Manoel Alves Carvalho²; Anatercia Ferreira Alves³.

¹Graduando em Agronomia na Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão (UEMASUL) vitorsucupira09@gmail.com. ²Graduandos em Agronomia na UEMASUL, euzywesterleya@gmail.com; gabriel_99_santos@hotmail.com; larissa.aguiar.alves1208@gmail.com; victormanoel.vma7@gmail.com. ³Professora do CCA-UEMASUL, anaterciaa@yahoo.com.br

O sorgo granífero é um dos principais cereais produzidos no mundo, com o plantio destinado para produção de ração obtida através da colheita de grãos. Por se tratar de uma cultura bastante difundida em outras regiões do país, promover seu uso sem o conhecimento do seu desenvolvimento e sua resposta às condições edafoclimáticas, é uma atividade que pode gerar altos riscos e conseqüentemente baixa produtividade. O objetivo do trabalho foi identificar genótipos de sorgo granífero adaptados às condições edafoclimáticas da região de Imperatriz, Maranhão. O experimento foi conduzido em campo na cidade de Imperatriz-MA. O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com três tratamentos (EA 955, EA 03 e 50A10) e quatro repetições. Foram avaliadas: altura de plantas, dias de início de floração, peso de panícula e produtividade. Houve diferença significativa para a fonte de variação Genótipos a 5% de probabilidade para peso de panícula e produtividade. Para altura de planta, houve diferença significativa a 1% de probabilidade e para dias de início de floração, não houve diferença significativa. Observa-se que o genótipo com maior altura média foi o EA 955 (2,19 metros) e o menor o genótipo 50A10 (1,13 metros). Para dias de início de floração todos os genótipos apresentaram precocidade, variando entre 52 e 55 dias, com média geral de 54 dias. Para peso de panícula em gramas e produção em kg/ha todos os genótipos com exceção do 50A10 apresentaram valores médios superiores à média nacional da safra 2020 (3024 kg/ha) com destaque para os genótipos EA 03 (5921,47 kg/ha). A associação das características de alta produção, precocidade para dias de início de floração e porte baixo são fatores importantes para a escolha do genótipo. O genótipo EA 03 apresenta boa produtividade, podendo ser recomendado para a região de Imperatriz.

Palavras-chave: *Sorgum bicolor* L. Moench; Desenvolvimento; Produtividade.

Agradecimentos: UEMASUL e FAPEMA pelo apoio financeiro.



ESTUDO ECOGEOGRÁFICO DE ACESSOS DE *Lippia insignis* Moldenke OCORRENTES NO ESTADO DA BAHIA

Raul Pinho Sales^{1*}; Lenaldo Muniz de Oliveira²; Edvan Assis Oliveira³.

Universidade Estadual de Feira de Santana¹²³. *raulsalesagro@gmail.com

Lippia insignis Moldenke é uma espécie nativa e endêmica do Estado da Bahia, restrita aos campos rupestres da Chapada Diamantina, com grande potencial fitoquímico e farmacológico. Apesar de amplo uso popular e potencial econômico, a espécie ainda se encontra em seu estado silvestre, necessitando de estudos que possibilitem a sua domesticação e cultivo sistematizado. Nesse processo, a determinação das características ecogeográficas de uma espécie é uma ferramenta muito importante para direcionar quais são as técnicas de manejos mais adequadas para o processo de domesticação de uma espécie nativa. O objetivo neste trabalho foi caracterizar a ecogeografia da espécie *Lippia insignis* Moldenke ocorrente no Estado da Bahia, Brasil. Realizou-se o levantamento dos locais de ocorrência da espécie, cadastrados no banco de dados de coleções biológicas SpeciesLink. Foram identificados 20 locais de ocorrência natural da espécie, distribuídos por 15 cidades. A partir das coordenadas geográficas (latitude e longitude) dos sítios de ocorrência da espécie foram realizados levantamentos de informações climáticas, bioma, fitofisionomia e dados geomorfológicos, obtidos a partir dos sites do IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística), INMET (Instituto Nacional de Meteorologia), INPE (Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais) e EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). Os dados foram sistematizados pelo software ArqGIS (Geographic Information System - GIS) versão 10.6, Sistema de coordenadas Datum South American (1969). Os resultados identificaram que a espécie ocorre predominantemente no bioma Caatinga e alguns acessos foram encontrados no Cerrado e Mata Atlântica. A espécie ocorre entre altitudes de 53 a 1376 metros, com precipitação entre 465 e 2057 milímetros e a temperatura média variando entre 17,1 e 26,7 °C. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Palavras-chave: Domesticação; Verbenaceae; Ecogeografia.

Agradecimentos: À Universidade Estadual de Feira de Santana, pela oportunidade de realização do curso.



AVALIAÇÃO PRELIMINAR DE ACESSOS DE AÇAIZEIRO HÍBRIDOS PARA CARACTERES DE CACHO EM BELÉM- PA

Gabriela de Lima Souza¹; Maria do Socorro Padilha de Oliveira²

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²Embrapa Amazônia Oriental.

*delimasouzagabriela@gmail.com

A Embrapa Amazônia Oriental otimizou a técnica da polinização controlada dentro das atividades de manejo do Banco Ativo de Germoplasma de Açaí (BAG *Euterpe*), como forma de subsidiar o programa de melhoramento genético do açaizeiro. Em 2013 obteve os primeiros híbridos intra e interespecíficos (*E. oleracea* x *E. precatoria*) e para avaliar seu vigor vem realizando avaliações em diferentes etapas. Desse modo, o presente estudo teve por objetivo avaliar acessos híbridos interespecíficos para caracteres de cacho. Mudanças de dois acessos híbridos foram plantadas em março/2016, em uma área de terra firme, no espaçamento de 5 m x 5 m, em Belém, PA. Nesses acessos os primeiros cachos foram coletados em 2019. Os cachos foram avaliados para cinco caracteres: peso total do cacho (g), peso de frutos por cacho (g), número de ráquias por cacho (nº), comprimento da raque (cm) e peso de cem frutos (g), além do cálculo do rendimento de frutos por cacho (%). Os dados obtidos foram analisados por estatística descritiva envolvendo médias, valores mínimos e máximos e coeficientes de variação. Dos quatorze cachos avaliados foi constatada considerável variação entre e dentro dos acessos híbridos, para quase todos os caracteres. No acesso 1, o coeficiente de variação (CV) entre os caracteres variou de 10,62% para o caráter peso de cem frutos a 78,79% para peso de frutos por cacho para o acesso 1. No acesso 2 essa variação foi um pouco menor 27,5% e 75,33%, sendo evidenciada nos mesmos caracteres. O caráter peso total do cacho variou de 280 g a 920 g no acesso 1 e de 300 g a 1050 g no acesso 2, com médias de 566,86 e 665,71 g, respectivamente. Esses acessos apresentaram precocidade de frutificação. Mas, com cacho de pouco peso. Acredita-se que esses baixos pesos dos cachos seja consequência de serem oriundos das primeiras frutificações desses acessos. As médias para o número de ráquias por cacho foram semelhantes nos dois acessos (53,29 cm e 56,29 cm, híbrido 1 e 2, respectivamente). Porém para o comprimento da raque, as médias foram distintas com 34,3 cm no acesso 1 e 42,77 cm no acesso 2. Os resultados evidenciam considerável variação entre esses dois acessos híbridos para os caracteres de cacho.

Palavras-chave: açaí híbrido; germoplasma; rendimento de frutos.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e Embrapa.



CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE AÇAIZEIROS HÍBRIDOS

Gabriela de Lima Souza¹; Maria do Socorro Padilha de Oliveira²

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²Embrapa Amazônia Oriental.

*delimasouzagabriela@gmail.com

Dentre as palmeiras Amazônicas há duas espécies pertencentes ao gênero *Euterpe* conhecidas por açaizeiro: *E. oleracea* Mart e *E. precatoria* Mart, cujos frutos apresentam grande demanda para diferentes mercados, especialmente o de polpa processada, consumida e comercializada nacional e internacionalmente. Visando a complementariedade de características desejáveis dessas espécies a Embrapa Amazônia Oriental obteve por polinização controlada os primeiros híbridos entre essas duas espécies, os quais encontram-se conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Açaí (BAG *Euterpe*). No presente estudo avaliou-se e caracterizou-se preliminarmente acessos híbridos por caracteres morfológicos. Foram avaliados dois acessos híbridos interespecíficos (*E. oleracea* x *E. precatoria*) com idade de 3 anos e entrando em fase produtiva para seis caracteres quantitativos: número de estipes por planta, número de estipes frutificando, número de folhas, circunferência do estipe, comprimento de cinco entrenós e altura da planta; além de um qualitativo: tipo de caule, totalizando 54 plantas. Os dados obtidos foram analisados por estatística descritiva. Os caracteres quantitativos apresentaram ampla variação nos dois acessos para a maioria dos caracteres avaliados, sendo bem maior no acesso 1, indo de 10,9% para número de folhas a 169,4% para número de estipes frutificando. As médias para a altura do estipe foram distintas sendo de 249,58 (acesso 1) e 221,17 cm (acesso 2). Para o número de estipes por planta e circunferência do estipe as médias foram semelhantes nos dois acessos, com 4,9 e 4,1 estipes por planta e 25,36 cm e 24,75 cm de circunferência do estipe. O comprimento de cinco entrenós foi outro caráter bem divergente entre os dois acessos. Quanto ao caráter qualitativo foi constatado que todas as plantas do acesso 1 apresentaram estipe multicaule, ou seja, em touceira, enquanto no acesso 2 houve segregação para essa característica, mas com predominância do tipo multicaule (96,7%) em detrimento ao tipo solitário (3,3%). Como o progenitor feminino desses acessos foi *E. oleracea* pode-se confirmar que este caráter tem herança citoplasmática. Os resultados apontam ampla variabilidade genética nas características morfológicas avaliadas nos acessos híbridos e demonstram predomínio do perfilhamento.

Palavras-chave: hibridação; açaí; variação

Agradecimentos: CAPES, CNPq e Embrapa.



AVALIAÇÃO DE MATÉRIA SECA E PRODUTIVIDADE DE PARTE AÉREA DE CULTIVARES DE MANDIOCA DE MESA SOB ADUBAÇÃO FOSFATADA

Ana Clécia Rebouças Maciel^{1*}; Flávio Pereira da Mota Silveira²; Welder de Araújo Rangel Lopes¹; Pedro Ramon Holanda de Oliveira¹; Lindomar Maria da Silveira¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. ²Universidade Federal do Rio Grande do Norte. *anaclecia_18@hotmail.com

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma cultura que responde ao fornecimento de fósforo, que tem como função promover o aumento da biomassa da parte aérea. Entretanto, as cultivares respondem de maneira distinta a aplicação do nutriente. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi avaliar o acúmulo de matéria seca do caule, folha e produtividade da parte aérea em cultivares de mandioca de mesa em função da adubação fosfatada. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, em parcelas subdivididas, com quatro repetições. Nas parcelas, foram aplicadas as cinco doses de fósforo correspondentes a cada tratamento: 0; 60; 120; 180 e 240 kg ha⁻¹ de P₂O₅. Nas subparcelas, foram dispostas as quatro cultivares de mandioca de mesa: Água Morna, BRS Gema de Ovo, Recife e Venâncio. As variáveis avaliadas foram: matéria seca das folhas (MSF, kg planta⁻¹), matéria seca do caule (MSC, kg planta⁻¹) e produtividade de parte aérea (PPA, t ha⁻¹). Os resultados obtidos foram submetidos à análise de variância. Utilizou-se regressão para avaliar as doses de fósforo e as médias das cultivares comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Para a variável MSC, foram observados maiores valores com as cultivares Venâncio (0,790 kg planta⁻¹), BRS Gema de Ovo (0,779 kg planta⁻¹), Recife (0,674 kg planta⁻¹) e Água Morna (0,512 kg planta⁻¹) com as doses de 165,64, 114,47, 240,00 e 120 kg ha⁻¹ de P₂O₅, respectivamente. As cultivares Água Morna e Venâncio apresentaram máximas MSF estimadas com a dose máxima de P aplicado ao solo, com 0,172 e 0,240 kg planta⁻¹, respectivamente. Para a cultivar BRS Gema de Ovo obteve-se valor máximo de 0,229 kg planta⁻¹ com 151,09 kg ha⁻¹ de P₂O₅. Não houve significância das doses de P para cultivar Recife, a qual apresentou média de 0,163 kg planta⁻¹. Todas as cultivares apresentaram resposta quadrática para PPA, obtendo-se, assim, as máximas PPA estimadas de 42,87 t ha⁻¹ (Água Morna), 80,00 t ha⁻¹ (BRS Gema de Ovo), 58,32 t ha⁻¹ (Recife) e 63,12 t ha⁻¹ (Venâncio) com as doses de 167,10, 140,89, 180,40 e 181,52 kg ha⁻¹ de P₂O₅, respectivamente. A cultivar BRS Gema de Ovo obteve maior produção de MSF e PPA, enquanto a cultivar Venâncio apresentou maior produção para MSC. A cultivar Água Morna obteve menor produção para as três variáveis analisadas.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; genótipos; nutrição de plantas.

Agradecimentos: Bolsista PIBIC - CNPq.



AVALIAÇÃO DO NÚMERO DE SEMENTES EM ACESSOS DE JERIMUM CABOCLO

Ana Clécia Rebouças Maciel^{1*}; Lindomar Maria da Silveira¹; Michele Barboza¹; Jarlan Lucas dos Santos Silva¹; Letycia de Lima Costa¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹; Antônio Genilson Rodrigues Araújo¹; Manoel Galdino dos Santos¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *anaclecia_18@hotmail.com

O jerimum caboclo (*Cucurbita maxima*, L.) apresenta grande relevância para a população, principalmente no Nordeste brasileiro, em função de suas características, como a sua semente que vem ganhando cada vez mais importância devido a sua rica composição nutricional, vindo a indicar cultivares favoráveis para o melhoramento genético como também contribuir na preservação das espécies. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi avaliar o número de sementes em acessos conservados na coleção de germoplasma de cucurbitáceas da Universidade Federal Rural Do Semi-Árido (UFERSA). O delineamento utilizado foi em blocos casualizados completos (DBC) com 21 tratamentos e três repetições, sendo cada repetição composta por cinco plantas. Cada tratamento foi representado por um acesso, esses acessos foram: T1 - CMAX 01, T2 - CMAX 02, T3 - CMAX 03, T4 - CMAX 04, T5 - CMAX 05, T8 - CMAX 08, T10 - CMAX 10, T11 - CMAX 11, T12 - CMAX 12, T14 - CMAX 14, T15 - CMAX 15, T16 - CMAX 16, T17 - CMAX 17, T18 - CMAX 18, T19 - CMAX 19, T20 - CMAX 20, T21 - CMAX 21, T22 - CMAX 22, T23 - CMAX 23; T24 - CV. Comercial Moranga Coroa³; T25 - CV. Híbrida Tetsukabuto³. Constatada a maturação dos frutos, os mesmos foram levados para o laboratório de pós-colheita da UFERSA e as sementes foram retiradas, lavadas e postas para secar de forma natural a sombra. Foram contadas e armazenadas na câmara fria com temperatura de 10°C. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knot a 5% de probabilidade. Observou-se variabilidade entre os acessos para o descritor analisado. Os acessos T3 - CMAX 03, T20 - CMAX 20 e a cultivar T24 - CMAX 24 produziram um maior número de sementes, enquanto que a cultivar T25 - CV. Híbrida Tetsukabuto³ produziu menor número de sementes. O número de sementes por fruto é um caractere importante que visa o desenvolvimento de cultivares a determinados segmentos de mercado, onde frutos com poucas sementes são mais adequados para exploração da polpa e frutos com muitas sementes são mais adequados para exploração da semente.

Palavras-chave: *Cucurbita maxima*, L.; melhoramento genético; número de sementes.

Agradecimentos: Bolsista IC PIBIC - CNPq.



PREDACÃO, GERMINAÇÃO E TOLERÂNCIA À DESIDRATAÇÃO, RESFRIAMENTO OU CONGELAMENTO DE SEMENTES DE TACHIGALI SUBVELUTINA (BENTH.) OLIVEIRA-FILHO

Dulce Alves da Silva¹ e Norton Polo Benito¹

¹ *Laboratório de Sementes, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia*

O Cerrado é uma savana que originalmente ocupava uma larga porcentagem do território brasileiro. A ação antrópica, entretanto, tem resultado na ameaça da conservação de muitas espécies vegetais com potencial econômico e tradicionalmente utilizadas, como é o caso do Veludo (*Tachigali subvelutna* (Benth.) Oliveira-Filho). Esta pesquisa visou descrever aspectos importantes para a promoção da conservação in situ/on farm de *T. subvelutina* tais como avaliação do impacto da predação e a avaliação da existência de dormência em suas sementes, o desenvolvimento de técnicas que possibilitem manter a viabilidade de suas sementes em longo prazo e a sua germinação para a formação de muda e o seu estabelecimento em campo. Frutos maduros de 13 indivíduos foram coletados em Rio Pardo (MG), levados para a EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília -DF) e beneficiados manualmente. Os experimentos com as sementes de *T. subvelutina* foram realizados no Laboratório de Sementes em BOD com 30°C de temperatura e fotoperíodo de 12 horas. Quantificamos a predação em uma amostra da população de sementes (N=8.492) de 13 indivíduos. Foram aplicados dois tratamentos para avaliar se as sementes apresentavam dormência: controle (sem pré-tratamento) e escarificação mecânica (lixa 50). Dois pré-tratamentos de escarificação foram comparados: mecânica (lixa 50) e química (ácido sulfúrico concentrado por 6 minutos, seguida de três enxagues com água destilada por 5 minutos). Quatro tratamentos foram realizados para avaliar o efeito da dessecação na germinação das sementes: 1) Controle (tempo zero); 2) após 19; 3) 24 e 4) 48 horas de desidratação (em caixa plástica hermeticamente fechada contendo sílica gel desidratada). Três tratamentos foram realizados em sementes previamente secas (9 % de umidade) para a avaliação do efeito do resfriamento e congelamento como técnica de conservação de sementes: (a) controle (mantidas em envelope de papel pardo sobre bancada de laboratório); (b) em geladeira (4° C) e em congelador (-8° C) por 112 e 224 dias. A porcentagem média de sementes predada na população amostrada foi de 38%, entretanto variou muito entre os indivíduos analisados (6% até 91%). As sementes apresentaram dormência por impermeabilidade (9% germinaram sem tratamento prévio). Tanto a escarificação mecanicamente quanto a química foram eficientes na quebra de dormência (94 e 96% respectivamente). As sementes foram tanto tolerantes à desidratação, como também toleraram a dessecação seguida de resfriamento e congelamento.

Palavras-chave: semente ortodoxa, dormência e Veludo.



OBTENÇÃO DE PROGÊNIES DE *Cucumis melo* L.

Alessandro Rosa Nascimento¹; Clisneide Coelho de Amorim²; Evelyn Katharine Jesus Coelho da Silva¹; Bárbara Laís Ramos Barbosa²; Milena dos Santos Coutinho¹; Graziela da Silva Barbosa¹; Ana Rosa Peixoto¹; Manoel Abílio de Queiroz¹.

¹Universidade do Estado da Bahia - UNEB. ²Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS. *alessandro7600@hotmail.com.

A produção de melão ocorre no Semiárido brasileiro, onde mais de 90% do produto colhido se destina aos mercados interno e externo. A predominância de condições ambientais favoráveis, associadas ao uso de cultivares melhoradas, são fatores aos quais podem ser atribuídos o sucesso na implantação da cultura nesta região. Contudo, a ocorrência de doenças é um fator limitante que atua reduzindo a qualidade dos frutos de melão, dentre estas, oídio (*Podosphaera xanthii* (Castagne)) é considerada uma das doenças mais importantes. Assim, com o objetivo de obter progênies endogâmicas de subacessos que foram selecionados em um experimento de avaliação da reação de subacessos de melão ao oídio, desenvolvido em casa de vegetação na Embrapa Semiárido, foi conduzido, de novembro de 2019 a fevereiro de 2020 um experimento de campo, no Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais, da Universidade do Estado da Bahia – DTCS UNEB. Foram dispostas ao acaso 31 plantas de melão (fase adulta) pertencentes a 12 subacessos, no espaçamento de 1,0 x 2,5 metros. Após 13 dias, as plantas foram adubadas com potássio e nitrogênio (2,2 e 10 gramas respectivamente, dos produtos comerciais). Foi utilizado sistema de irrigação por gotejamento. Com o início do florescimento, diariamente foram feitas polinizações controladas (autofecundações). Os frutos foram coletados cerca de 30 dias após as polinizações. Foram coletados dados referentes a massa (kg) e comprimento do fruto (cm), cor da polpa, aroma; presença da capa gelatinosa ao redor da semente. Foram obtidas 12 progênies de oito subacessos mostrando variação para massa do fruto (0,16 a 2,46kg; comprimento do fruto (10 a 32cm); polpa variando de verde, creme, salmão e branca; aroma (presente e ausente) e capa gelatinosa ao redor da semente (ausente a muita). Em campo verificou-se grande variação para sintomas do vírus do amarelão e ocorrência do fungo *Macrophomina* sp, em plantas de três subacessos, que foi isolado no Laboratório de Fitopatologia do DTCS. As sementes foram extraídas e secas à sombra. Em seguida foram identificadas e armazenadas em câmara fria de 10°C e 40% de umidade relativa para dar prosseguimento à seleção para o oídio. As progênies obtidas mostram grande variação para caracteres morfológicos e tolerância ao vírus do amarelão e ao fungo *Macrophomina* sp e que serão usadas para dar continuidade à seleção para o oídio em melão proveniente da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

Palavras-chave: Germoplasma; Multiplicação; Seleção.

Agradecimentos: À FAPESB-IC pela concessão da bolsa e à Universidade do Estado da Bahia.



REAÇÃO A DOENÇAS DE VARIEDADES CRIOULAS E CULTIVARES DE FEIJÃO

Letícia Lunardi¹; Lucas Teixeira da Silva¹; Ana Claudia Schillemer dos Santos¹;
Luiz Fernando Klein¹; Gustavo Gomes Borges da Silva¹; Lucas da Silva
Domingues^{1*}

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: le.lunardi@hotmail.com

O feijão é um dos componentes básicos da dieta dos brasileiros. Apresentando grande diversidade genética principalmente nas variedades crioulas, estas variedades se tornam muito importante do ponto de vista de conservação dos recursos genéticos. O trabalho teve como objetivo caracterizar morfoagronomicamente a resposta a doenças de 40 acessos (crioulos e cultivares comerciais) de *Phaseolus vulgaris* L. Foram avaliados 40 genótipos - 31 genótipos crioulos e 9 cultivares comerciais. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos e as avaliações de resposta a doenças foram realizadas através de Escalas pré definidas pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Dessa forma, para a antracnose foliar nenhum genótipo foi contaminado, ou seja, todos apresentaram ausência de sintomas (nota 1). O que se repetiu em estágio R8, na formação dos grãos, isso ocorreu para 20 genótipos crioulos e para seis cultivares. Os demais genótipos apresentaram até 1% das vagens com lesões (30%). Apenas duas variedades apresentaram-se susceptíveis a antracnose nas vagens Carioca Rosa e Bem-te-vi, apresentando nota 5, entre 1 e 5% das vagens com lesões. O cretamento bacteriano comum foi bastante impactante, afetando 38 genótipos (95%) do total com sintomas tanto nas folhas, quanto nas vagens. Apesar de serem poucas lesões, quase todas apresentaram algum sintoma. Apenas duas variedades não tiveram a presença de cretamento bacteriano na avaliação foliar (Rosinha e Carioca UM Rajado) e na avaliação das vagens (Carioca Siriri e IPR Rajado). Em relação a mancha angular, e de todas as variedades avaliadas, 35% (14 genótipos) não foram atingidos pela mancha angular, os outros 65% que apresentaram sintomas, manifestaram de 0,1 a 1% das folhas com lesões menores de 1 mm, o que não chega a ser preocupante. A antracnose foliar não é um problema para nenhum dos 40 genótipos testados no ciclo de cultivo a que foram expostas. Três genótipos não apresentam sintomas de nenhuma das doenças foliar analisada nesse estudo (Rosinha, Carioca UM Rajado e Chumbinho Preto). Confirmando que as variedades crioulas de feijão apresentam grande variabilidade genética e conhece-la é essencial, pois através dessas informações pode ser utilizado como fonte de resistência ou tolerância a doenças, pragas e estresses abióticos.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; resistência genética;

Agradecimentos: UTFPR pelo aporte financeiro.



CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS E CULTIVARES DE FEIJÃO

Lucas Teixeira da Silva¹; Ana Claudia Schillemer dos Santos¹, Lucas Vinícius de Sousa Alcantara¹, Gustavo Gomes Borges da Silva¹, Rodrigo Evers¹, Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: lucass.1999@alunos.utfpr.edu.br.

O feijão é um alimento que corresponde aos demais tipos de nutrientes (proteínas, carboidratos, vitaminas e etc.), contribuindo para a construção da base nutricional brasileira, podendo-se dizer que é um alimento cultural, por conta de sua ampla abrangência nas esferas socioeconômicas. Este trabalho teve como objetivo analisar os hábitos de crescimento de planta de acordo com o formulário de descritores morfológicos mínimos de feijão, recomendado pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC), e também sobre acamamento e capacidade de adaptação da planta ou nota geral, tendo como base a escala estipulada pelo Centro Internacional para Agricultura Tropical – CIAT (International Center for Tropical Agriculture). O desenvolvimento do experimento aconteceu com a implantação da safrinha 2018, na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Campus Dois Vizinhos, situada na região sudoeste do estado do Paraná. O delineamento experimental utilizado, foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Os tratamentos constituíram de 40 genótipos de feijão, sendo 31 crioulas e 9 cultivares comerciais. Com relação a característica hábitos de crescimento da planta, notou-se que, 50 % dos genótipos avaliados são do tipo III (crescimento prostrado ou semitrepador indeterminado), sendo metade desta porcentagem comportada pelo grupo comercial carioca, hábitos de crescimento tipo II (determinado e arbustivo), encontra-se com o segundo maior número de genótipos, contendo 40% dos feijões avaliados onde metade, pertence ao grupo comercial preto e a outra metade aos grãos coloridos, o hábito de crescimento tipo I (determinado e arbustivo), constitui uma porcentagem de apenas 10%, sendo representado pelos grãos coloridos, tendo destaque os vermelhos e rajados. Sobre a avaliação de acamamento todos os genótipos apresentaram algum nível de acamamento, entretanto 11 cultivares se destacam, apresentando uma maior resistência ao acamamento, tendo apenas 25% das plantas caídas ou todas inclinadas a 25°. Sobre a avaliação de nota geral, nenhum genótipo apresentou nota máxima, entretanto 10 genótipo se destacaram pelo bom desempenho aos fatores de doenças, acamamento, estande final e estatura de planta, sendo eles: Serrana Vagem Roxa, 90 dias Preto, Rosinha, Carioca Siriri, Serrana Vagem Branca, Chumbinho, Vermelho, Vagem Roxa Seca, Nhambu e Quero-quero, podendo serem utilizadas em programas de melhoramento da cultura do feijão ou indicadas para cultivo pelos agricultores.

Palavras chaves: *Phaseolus vulgaris*, acamamento, germoplasma.

Agradecimentos: UTFPR pelo aporte financeiro.



RESPOSTAS DA INTERAÇÃO *Spondias purpurea* L. vs. *Meloidogyne* spp.

Marilene Fátima Lunardi^{1*}; Christiane Mendes Cassimiro Ramires²; Mariana Ferreira de Lima David¹; Diego Arruda Huggins de Sá Leitão¹; Alessandro Gomes da Silva¹; Lilian Margarete Paes Guimarães¹

¹UFRPE. ²EMPAER. *E-mail do autor apresentador: marilene.lunardi@hotmail.com

A cirigueleira (*Spondias purpurea* L.) produz frutos apreciados no Nordeste brasileiro, os quais são consumidos *in natura* ou na forma de diversos produtos processados, o que tem proporcionado interesse no plantio comercial. Algumas espécies do gênero *Spondias* são suscetíveis aos nematoides das galhas, no entanto, informações sobre o parasitismo de *Meloidogyne* spp. na cirigueleira são incipientes. O trabalho teve como objetivo avaliar desenvolvimento e reprodução de *M. javanica*, *M. incognita* e *M. enterolobii* em mudas de cirigueleira obtidas de estacas. O experimento foi realizado na EMPAER - Estação Experimental José Irineu Cabral/PB e no Laboratório de Fitonematologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, no período entre 24/08/18 a 06/08/2019. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 10 repetições e quatro tratamentos. Os tratamentos consistiram em: testemunha e 30.000 ovos+juvenis planta⁻¹ de cada espécie de nematoide. As avaliações da penetração, altura, peso fresco da parte aérea (PFPA), peso fresco da raiz (PFR), fator de reprodução (FR), número de galhas (NG), número de massa de ovos (NMO) e número de ovos por grama de raiz (NOR), realizadas aos 180 dias após inoculação. Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando necessário, foi utilizado o teste Kruskal-Wallis para os dados não-paramétricos. As médias foram comparadas pelo teste Tukey e Kruskal-Wallis, ambos a 5% de probabilidade. Em relação à altura, PFPA e PRF não foi possível observar diferença estatística entre as plantas testemunhas e inoculadas com a densidade de 30.000 ovos+juvenis e as diferentes espécies de *Meloidogyne*. A cirigueleira se mostrou como uma planta boa hospedeira com os valores do FR > 1, variando entre 1,5, 1,3 e 1,4, respectivamente para *M. incognita*, *M. javanica* e *M. enterolobii*. Houve uma maior formação de galhas, nas plantas inoculadas com *M. incognita*. Os valores de NMO foram superiores nas plantas inoculadas com *M. incognita*. Em relação ao NOR, os menores valores foram observados em *M. javanica*, diferindo de plantas inoculadas com *M. incognita*. Os resultados obtidos no experimento indicam uma possível tolerância de *Spondias purpurea* a *M. incognita*, *M. javanica* e *M. enterolobii*, sendo necessário mais estudos para comprovação.

Palavras-chave: Cirigueleira; Nematode das galhas; Tolerância.

Agradecimentos: CAPES, UFRPE e EMPAER.



RESPOSTAS AO PARASITISMO DOS NEMATOIDES DAS GALHAS EM UMBUGUELEIRA

Marilene Fátima Lunardi^{1*}; Mariana Ferreira de Lima David¹; Alessandro Gomes da Silva¹; Christiane Mendes Cassimiro Ramires²; Elvira Maria Régis Pedrosa¹; Lilian Margarete Paes Guimarães¹

¹UFRPE. ²EMPAER. *E-mail do autor apresentador: marilene.lunardi@hotmail.com

Os nematoides das galhas são pertencentes ao gênero *Meloidogyne* responsáveis por danos econômicos em diversas culturas. A umbugueleira (*Spondias* sp.) é um provável híbrido natural, sua propagação é apenas por meio da estaquia e da enxertia. Os frutos possuem sabor semelhantes aos da cirigueleira e em alguns municípios do nordeste brasileiro são comercializados durante a safra, sendo mais uma fonte de renda para os agricultores. Relatos confirmam a presença de *Meloidogyne* spp. em mudas de outras espécies de *Spondias*, mas, nada se sabe a respeito em mudas de umbugueleira. O trabalho teve como objetivo avaliar desenvolvimento e reprodução de *M. javanica*, *M. incognita* e *M. enterolobii* em mudas de umbugueleira. O experimento foi realizado em ambiente protegido pertencente a EMPAER - Estação Experimental José Irineu Cabral/PB e no Laboratório de Fitonematologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, no período entre 24/08/18 a 06/08/2019. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 10 repetições e dois tratamentos, que consistiram em: testemunha e 30.000 ovos+juvenis planta⁻¹ de cada espécie de nematoide. As avaliações da penetração, altura, peso fresco da parte aérea (PFPA), peso fresco da raiz (PFR), fator de reprodução (FR), número de galhas (NG), número de massa de ovos (NMO) e número de ovos por grama de raiz (NOR), foram realizadas aos 180 dias após inoculação. Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando necessário, foi utilizado o teste Kruskal-Wallis para os dados não-paramétricos. As médias foram comparadas pelo teste Tukey e Kruskal-Wallis, ambos a 5% de probabilidade. Em relação à altura, PFPA e PRF não foi possível observar diferença estatística entre as plantas testemunhas e inoculadas com a densidade de 30.000 ovos+juvenis e as diferentes espécies de *Meloidogyne*. A umbugueleira se mostrou como uma planta boa hospedeira dos nematoides das galhas apresentando FR>1, com valores de FR em *M. incognita*, *M. javanica* e *M. enterolobii*, 1,75, 1,93 e 2,1, respectivamente. Houve uma maior formação de galhas (NG) e NMO nas plantas inoculadas com *M. incognita* e *M. enterolobii*. Em relação ao NOR, os maiores valores foram observados em *M. enterolobii*. Os resultados obtidos demonstram uma possível tolerância de umbugueleira a algumas espécies dos nematoides das galhas, no entanto, mais estudos são necessários para entendermos melhor a relação planta-parasito.

Palavras-chave: *Spondias* sp.; *Meloidogyne* spp.; Meloidoginose.

Agradecimentos: CAPES, UFRPE e EMPAER.



TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM ACESSOS DE *Cattleya walkeriana* Gardner

Arlindo Ananias Pereira da Silva^{1*}; Paulo Eduardo Teodoro²; Glaucia Amorim Faria¹; Dayane Bortoloto da Silva¹; Kassia Maria Cruz Souza¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Karina da Silva Souza¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: arlindo.ananias@unesp.br

Cattleya walkeriana é uma orquídea epífita ou rupícola, que ocorre em diferentes tipos de ambientes (por exemplo Floresta Rupícola, Estacional Semidecidual e Cerradão). Por ser uma planta bastante ornamental, tem elevado valor econômico. Por esse motivo sofre muita exploração e foi documentado que muitas subpopulações já foram praticamente dizimadas em seu ambiente natural. Além disso, muitas de suas áreas de ocorrência estão pressionadas pelo crescimento urbano. Suspeita-se que sua população tenha sofrido uma redução de cerca de 30% nos últimos 10 anos. Portanto, a espécie é considerada “Vulnerável” segundo o Livro Vermelho da Flora do Brasil e a União Internacional para conservação da Natureza. Nesse sentido este trabalho objetivou determinar os teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de 36 acessos da espécie, obtidas via polinização aberta, mantidos em casa de vegetação no município de Três Lagoas – MS. As coletas foram realizadas na folha completamente expandida do terceiro pseudobulbo a partir do meristema caulinar dos 36 indivíduos. As características avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada a estatística descritiva, por meio do software SISVAR. Os indivíduos de *C. walkeriana* apresentaram teores médios de clorofila a de $50,45,95 \pm 0,76$ µg/g de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 9,10%. Para a clorofila b os indivíduos apresentaram teor médio de $53,90 \pm 0,66$ µg/g MFF e CV de 7,40%. Considerando o teor médio de carotenóides nas folhas de *C. walkeriana*, os indivíduos apresentaram uma concentração média de $15,29 \pm 0,23$ µg/g MFF, com CV de 9,23%. Esses valores indicam uma baixa diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *Cattleya walkeriana* e poderão ser indicativos para estudos futuros para conservação da espécie.

Palavras-chave: Clorofila; Conservação; Orquídeas.

Agradecimentos: PPGA – Programa de Pós-graduação em Agronomia, Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM *Passiflora foetida* L.

Karina da Silva Souza^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva¹; Dayane Bortoloto da Silva¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Kassia Maria Cruz Souza¹; Cintia Patrícia Martins de Oliveira¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. *E-mail: karina.s.souza@unesp.br

A espécie *Passiflora foetida* L. é uma trepadeira exótica cujas folhas e frutos possuem propriedades medicinais. No Brasil é utilizada na forma de extratos ou emplastros para erisipelas e doenças de pele com inflamação. Dentre os principais fitoconstituintes desta planta, encontram-se alcalóides, fenóis, flavonóides e compostos glicosídicos cianogênicos. E para uma concentração adequada destes compostos nos tecidos foliares é importante um aparato fotossintético eficiente. Sendo que o manejo eficiente de germoplasma vegetal é de vital importância para o pesquisador, que necessita do mesmo bem caracterizado para utilizá-lo em suas pesquisas e posterior melhoramento genético. Nesse sentido este trabalho objetivou caracterizar indivíduos de *Passiflora foetida* L. baseados nos teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas. As mudas foram produzidas a partir de sementes obtidas da Embrapa, e mantidas em casa de vegetação no município de Ilha Solteira – SP. As coletas foram realizadas na terceira folha completamente expandida a partir do ápice caulinar de 13 indivíduos. As características avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada a estatística descritiva dos dados, por meio do software SISVAR. Os indivíduos de *P. foetida* apresentaram teores médios de clorofila a de 187,95 µg/g de massa fresca de folhas (MFF), e coeficiente de variação (CV) e erro padrão da média, 17,69 e 9,22. Já para a clorofila b os indivíduos apresentaram teor médio de 109,20 µg/g MFF, CV (%) 14,51 e erro padrão de 4,39. Considerando o teor médio de carotenóides nas folhas de *Passiflora foetida*, os indivíduos apresentaram uma concentração média de 47,33 µg/g MFF, CV (%) de 18,70 e erro padrão de 2,45. Esses valores indicam diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *Passiflora foetida* e poderão ser indicativos para seleções em futuros programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Carotenóides; Clorofila; Maracujá.

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM *Passiflora gibertii* N.E. Brown.

Karina da Silva Souza^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Dayane Bortoloto da Silva¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva¹; Kassia Maria Cruz Souza¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Cintia Patrícia Martins de Oliveira¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. *E-mail: karina.s.souza@unesp.br

A espécie *Passiflora gibertii* N.E Brown, conhecida como maracujá do campo, é nativa do cerrado brasileiro e destaca-se pelo seu valor ornamental, além de possuir grandes concentrações de componentes químicos de interesse da indústria farmacêutica, apresenta alguns caracteres fitopatológicos de interesse discutidos no melhoramento genético para a cultura de maracujazeiro assim como outras espécies silvestres do gênero *Passiflora*. *P. gibertii*, têm apresentado variabilidade para resistência às principais doenças do maracujazeiro e essa característica pode ser introduzida no maracujazeiro comercial, tornando-se grande potencial para programas de melhoramento genético. Assim como o que ocorre em outros maracujás silvestres, há uma carência quanto as informações desta espécie, principalmente em relação a fisiologia e adaptabilidade em distintas condições climáticas. Portanto, este trabalho teve como objetivo avaliar teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de acessos de *Passiflora gibertii* N.E. Brown. As mudas foram produzidas a partir de sementes obtidas por polinização controlada, mantidas em casa de vegetação no município de Ilha Solteira – SP. As coletas foram realizadas na terceira folha completamente expandida a partir do ápice caulinar de 11 indivíduos. As variáveis avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. A estatística descritiva dos dados foi realizada utilizando o software SISVAR. A concentração média de clorofila a nas folhas de indivíduos de *P. gibertii* foi de $124,47 \pm 12,28 \mu\text{g/g}$ de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 32,72%. Para a clorofila b constatou-se teor médio de $92,45 \pm 6,41 \mu\text{g/g}$ MF, com CV de 22,99%. As folhas de *Passiflora gibertii* apresentaram concentração média de carotenóides de $30 \pm 2,98 \mu\text{g/g}$ MF, com CV de 32,47%. Esses valores apontam para uma variação elevada quanto a concentração de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *Passiflora gibertii*, o que pode sugerir indivíduos com características diferenciadas, traduzindo em maior variabilidade, podendo subsidiar futuros materiais para utilização em programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Carotenóides; Clorofila; Maracujá.

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



FENOTIPAGEM EM SEMENTES DE FEIJÃO-FAVA VISANDO PADRÃO COMERCIAL

Laís dos Santos Neri da Silva^{1*}; Maria de Fátima Brito Vieira²; Eulília Oliveira Machado²; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Raimundo Nonato Oliveira Silva³

¹ Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Centro de Ciências Agrárias- Universidade Federal do Piauí, *Campus* Ministro Petrônio Portella. ²Graduação em Ciências Biológicas, Centro de Ciências da Natureza- Universidade Federal do Piauí, *Campus* Ministro Petrônio Portella. ³Universidade Federal do Piauí, *Campus* Amílcar Ferreira Sobral. *silva.lsn@hotmail.com

Amplamente cultivada no nordeste brasileiro, a espécie *Phaseolus lunatus*, também conhecida como fava, feijão-fava ou feijão lima, possui notório potencial nutritivo, culinário e comercial. Além disso, essa leguminosa possui considerável variabilidade genética observada principalmente em caracteres de sementes que, por sua vez, revelam-se promissores para seleção de genótipos com padrões que atendam às exigências do consumidor de feijão-fava. Esse trabalho objetivou caracterizar sementes de feijão-fava, oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de *P. lunatus* da UFPI, visando identificar genótipos com padrão comercial. Foram utilizados 25 genótipos de feijão-fava, sendo selecionadas, ao acaso, 10 sementes de cada genótipo. A caracterização morfológica foi baseada nos descritores para a espécie sugeridas pelo *Bioversity International*. Os caracteres avaliados foram cor do fundo, cor padrão e segunda com padrão da semente, padrão do tegumento e forma da semente. Foi realizada análise descritiva dos dados. Observou-se variabilidade fenotípica entre os caracteres estudados. A maioria dos genótipos, 56%, apresentaram cor do fundo da semente branco, 24% coloração cinza, 16% em tons de castanho e somente 4% de cor preta. Constatou-se ausência para cor padrão e segunda cor padrão em 60 e 88% dos genótipos, respectivamente. Considerando o padrão do tegumento, verificou-se que em 64% dos genótipos a disposição de pigmentos ou manchas no tegumento da semente ocorre na região do hilo. Enquanto que o auréolo padrão com mancha na região do hilo e presença de alguns sinais foi observada em 28% dos genótipos. A cor das sementes possui apelo e preferência comercial de acordo com o mercado consumidor e a região. No Nordeste, por exemplo, é preferível grãos com coloração branca e tons claros. Em relação ao formato da semente, observou-se 80% dos genótipos com forma esférica, sendo bastante frequente na cultura, seguida da forma oblonga (12%) e em menor quantidade a forma elíptica (8%). Certamente, esses resultados são úteis na identificação de genótipos de feijão-fava aceitáveis comercialmente de modo a direcionar novas estratégias em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: caracterização fenotípica; diversidade genética; *Phaseolus lunatus*

Agradecimentos: Universidade Federal do Piauí e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior- CAPES.



NÚMERO DE GRÃOS DE PÓLEN EM ANTERAS DE GENÓTIPOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE PEREIRA

Ivan Dagoberto Faoro^{1*}

¹Epagri/Estação Experimental de Caçador. *E-mail: ivanfaoro@uol.com.br.

A quantidade de pólen produzida por genótipos de pereira é uma informação importante no conjunto de características para definição de cultivares polinizadores em plantios comerciais. Não adianta um genótipo polinizador possuir boa afinidade na duração da floração com um cultivar produtor se esse polinizador não produz ou mesmo produz pouquíssima quantidade de pólen. O objetivo desse trabalho foi quantificar o número de grãos de pólen por antera em diversos genótipos existentes no BAG Pereira e se essa variável é influenciada pelo fator ano (clima). De cada genótipo, foram coletadas quatro flores (repetições) quando estavam na fase 3F3 (estádio de balão), sendo retiradas quatro anteras de cada flor e colocadas numa solução 0,5mL de ác. láctico a 85% em microtubo com capacidade para 1,0mL. As anteras foram trituradas e foi retirada uma amostra de 0,1mL desta solução e colocada em câmara de Neubauer para proceder a contagem dos grãos de pólen utilizando microscópio ótico com aumento de 100X. O número médio de grãos de pólen por antera foi calculado conforme a equação $Npa = (\Sigma C_n)/n \times 1/a \times (vs/vc)$, sendo Npa: número médio de grãos de pólen por antera; ΣC_n : somatória do número de grãos de pólen dos cinco campos principais do hemacitômetro tipo Neubauer; n: número de campos avaliados no hemacitômetro tipo Neubauer (= 5); a: número de anteras trituradas na solução original vs (= 4); vs: volume da solução original de ácido láctico, em mm^3 (= $500mm^3$ = 0,5ml); vc: volume do campo avaliado da câmara de Neubauer, em mm^3 (= $0,1mm^3$). Os dados analisados foram coletados nas floradas de 2010, 2011 e 2012. Nem todos os mesmos germoplasmas foram avaliados todos os anos. Foi realizado o teste F para análise envolvendo 3 anos (10 genótipos: 2010, 2011 e 2012) e 2 anos (10 genótipos: 2010 e 2011 e 12 genótipos: 2010 e 2012). As análises estatísticas indicaram que alguns genótipos apresentam diferenças significativas no número de grãos de pólen por antera entre os anos, como foi observado com 'Kieffer', 'SPe 78-12' e 'Housui'. Os genótipos com maior produção de pólen mantiveram essa tendência ao longo dos anos, destacando-se a 'SPe 78-12' (média de 27.667 grãos antera⁻¹). O genótipo 'Housui', comumente indicado como polinizador de 'SC421 Carolina', foi considerado mediano quanto ao número de grãos de pólen produzido (14.333 grãos), suscitando uma busca para a sua substituição caso exista outro genótipo que apresente coincidência de floração e produza maior quantidade de pólen compatível. O genótipo 'Douglas' foi o que menos produziu pólen (3.417 grãos), devendo por isso ser evitada a sua utilização como polinizador.

Palavras-chave: ; *Pyrus*; Polinização; Cultivares

Agradecimentos: à Embrapa Uva e Vinho pelo apoio financeiro.



CARACTERIZAÇÃO FOLIAR DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO FAVA

Yasmin Borges Diniz¹; Gabriel Viana Ferraz¹; Kenne Warley dos Santos Rocha¹; Guilherme Alexandre Luz da Costa¹; Maria de Fátima Brito Vieira¹; Verônica Brito da Silva¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹

¹Universidade Federal do Piauí. yasmin12borges2@gmail.com.

O feijão-fava é uma das cinco espécies do gênero *Phaseolus* exploradas comercialmente, sendo assim cultivado em todos os estados brasileiros, além de ser caracterizado por ter uma elevada diversidade genética e adaptação às mais diversas condições ambientais. A caracterização morfológica permite a discriminação fácil entre fenótipos e fornece as estimativas de variabilidade dentro da coleção de germoplasma. Os descritores que envolvem a caracterização de estruturas de início do ciclo da planta podem ser de grande utilidade quando pretende-se avaliar a variabilidade genética de forma antecipada à colheita. Nesse sentido, o objetivo do presente estudo foi avaliar a eficiência da caracterização foliar na determinação da variabilidade genética entre variedades crioulas de feijão fava. O experimento foi conduzido em área experimental do Departamento de Fitotecnia/CCA/UFPI no período de fevereiro a agosto de 2020. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados (DBC) com quatro repetições. Foram avaliados descritores foliares (comprimento, largura e formato de folha) de cinco variedades crioulas de feijão fava cadastradas no Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI. Os descritores foram coletados 90 dias após a semeadura e 40 folhas foram coletadas por acesso. Foi realizado o Teste de Tukey por meio do programa computacional Genes. Observou-se que, em relação à variável comprimento, o genótipo UFPI 1266 destacou-se por apresentar os maiores tamanhos de folhas, enquanto que o acesso UFPI 1246 apresentou menores dimensões e os acessos UFPI 1299, UFPI 1297 e UFPI 1295 não apresentaram diferenças significativas. Com relação à variável largura, de maneira similar à variável comprimento, o genótipo UFPI 1266 destacou-se por apresentar folhas com larguras maiores que os demais genótipos, enquanto os acessos UFPI 1299, UFPI 1297 e UFPI 1235 apresentaram menores proporções e o acesso UFPI 1246 não apresentou diferenças significativas. No que concerne à variável formato, o acesso UFPI 1266 também apresentou as maiores dimensões, enquanto UFPI 1246 e UFPI 1245 mostraram ser menores e UFPI 1299 e UFPI 1297 não apresentaram diferenças significativas. Portanto, com relação à caracterização morfológica foliar, o acesso UFPI 1266 apresentou melhores resultados quando comparado aos demais.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; descritores foliares; variação fenotípica.

Agradecimentos: CNPq, UFPI.



ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJÃO-FAVA POR MEIO DE COMPONENTES DE PRODUÇÃO

Gabriel Viana Ferraz^{1*}; Yasmin Borges Diniz¹; Guilherme Alexandre Luz da Costa¹; Eulília Oliveira Machado¹; Verônica Brito da Silva¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹

¹Universidade Federal do Piauí (UFPI). *E-mail do autor apresentador: gabrieleluigi840@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma das cinco espécies do gênero *Phaseolus* exploradas comercialmente. Trabalhos de pesquisas com a espécie ainda são incipientes e estudos que envolvam o conhecimento de sua diversidade genética são primordiais para sua conservação e uso em programas de melhoramento. Assim, este trabalho objetivou estimar a diversidade genética de acessos de feijão-fava de distintas origens do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAG – UFPI). O experimento foi realizado em telado no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, em Teresina - PI. Foram avaliados 27 acessos de feijão-fava coletados em diversos países (Mesoamericanos, Sul-americanos, entre outros), no período de fevereiro a agosto de 2020. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, com quatro repetições. Foram avaliados os caracteres comprimento, largura, espessura e números de lóculos por vagem. A diversidade genética foi avaliada utilizando-se o método de Singh e os métodos de agrupamentos hierárquico UPGMA (Grupo de Pares Não-Ponderados com Média Aritmética), com o emprego da distância euclidiana média como medida de dissimilaridade e de otimização de Tocher. Todas as análises estatísticas foram realizadas com auxílio do aplicativo computacional Genes. Os resultados das análises comprovaram a existência de variabilidade genética entre os acessos avaliados. Por meio do método de Singh, constatou-se que o caráter comprimento de vagem foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade dos acessos, sendo o menor valor de 22,96 mm (UFPI-1076) e o maior valor de 89,30 mm (UFPI-1226). Por meio da análise UPGMA, verificou-se a formação de sete grupos. No Grupo 1, foram agrupados dezesseis acessos; no Grupo 5, três acessos. Nos Grupos 2, 3 e 6, foram agrupados dois acessos em cada e nos Grupos 4 e 7, um acesso em cada. Porém, pelo método de Tocher, verificou-se a formação de cinco grupos, sendo o Grupo 1 composto por dezenove acessos, o Grupo 2 por cinco acessos e os Grupos 3, 4 e 5, um acesso em cada. A maior divergência genética foi observada entre os Grupos 3 e 5. Conclui-se que há variabilidade entre os acessos avaliados e que os métodos multivariados empregados foram eficientes para o agrupamento deles destacando-se o caráter comprimento de vagem que mais contribuiu para a dissimilaridade entre os acessos.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L.; método de agrupamento; conservação.

Agradecimentos: CNPq, UFPI.



VARIAÇÃO DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM BUTIAZEIROS (*Butia odorata*)

Tatieli Silveira^{1*}; Jéssica Gonzalez Cruz¹; Claudete Clarice Mistura²; Julia Goetten Wagner¹; Rosa Lia Barbieri³

¹UFPEL – Universidade Federal de pelotas. ²Doutora em Agronomia-Fitomelhoramento-UFPEL. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *tatielisilveira@hotmail.com.

A caracterização morfológica é uma das formas para determinar a variabilidade genética do germoplasma. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variação de caracteres quantitativos relacionados à produção de frutos em butiazeiros [*Butia odorata* (Barb. Rodr.) Noblick.] em duas localidades distintas e em dois anos consecutivos. Os caracteres foram avaliados em 2018 e 2019, em 20 butiazeiros de uma população natural localizada em Tapes (RS) e 20 butiazeiros cultivados na área urbana de Santa Vitória do Palmar (RS). Em cada planta foram avaliados os seguintes caracteres: peso médio do cacho, média de frutos por cacho, peso médio do cacho vazio, comprimento médio do cacho, peso médio de 100 frutos, número médio de cachos por planta e peso total do cacho. Os dados foram submetidos a ANOVA e teste de Tukey ($p=0,05$). As análises foram realizadas com auxílio do programa Genes. Foi evidenciada interação genótipo x ambiente significativa para todas as características. O maior peso médio de cacho foi encontrado em Santa Vitória do Palmar, 10,80kg e 12,50kg, para 2018 e 2019, respectivamente. Neste local também foram encontrados os maiores valores de média de frutos por cacho (754), peso médio do cacho vazio (0,256 kg), comprimento médio do cacho (145 cm), peso médio de 100 frutos (0,782 kg), número médio de cachos por planta (5) e peso total do cacho (13,80kg). Isso parece indicar que os butiazeiros da área urbana de Santa Vitória do Palmar são o resultado de seleção para tamanho de fruto e produtividade. Os valores registrados para os butiazeiros de Tapes foram inferiores para todos os caracteres avaliados. Em Tapes, o peso médio de cachos foi de 8,58kg, a média de frutos por cacho foi de 529, o peso médio do cacho vazio foi 0,199 kg, o comprimento médio do cacho foi 128 cm, o peso médio de 100 frutos foi 0,542 kg, o número médio de cachos por planta foi 4 e peso total do cacho foi 9,30kg. A maior produção de cachos foi observada em Santa Vitória do Palmar, em 2019, onde uma planta produziu sete cachos. Existe variação nos caracteres quantitativos relacionados à produção de frutos nos butiazeiros de Tapes e de Santa Vitória do Palmar. As diferenças verificadas nos valores obtidos de um ano para o outro entre butiazeiros de diferentes localidades se deve à interação genótipo x ambiente.

Palavras-chave: Arecaceae; conservação in situ; recursos genéticos.

Agradecimentos: MCTIC/CNPq (processo 441493/2017-3).



DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE FEIJÃO-FAVA POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Maria de Fátima Brito Vieira^{1*}; Eulília Oliveira Machado¹; Laís dos Santos Neri da Silva¹; Yasmin Borges Diniz¹; Rafael da Costa Almeida¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Verônica Brito da Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. * mariafbvieira2016@gmail.com

A espécie *Phaseolus lunatus* L (Fabaceae), se destaca como a segunda espécie mais cultivada do gênero *Phaseolus*. Devido à sua utilização na alimentação bem como a relevância socioeconômica, a realização da caracterização morfoagronômica seguida de estimativa da diversidade genética é importante, pois fornece informações essenciais para a determinação da variabilidade genética da espécie. O objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética em acessos de feijão-fava por meio da análise de componentes principais. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia, UFPI, Teresina-PI. Foram utilizados 23 genótipos de feijão-fava que foram conduzidos em blocos casualizado com 2 repetições, as parcelas constituídas por 4 fileiras com 5 plantas espaçadas por 1 m, no caso totalizando 20 plantas por parcela. Os caracteres avaliados foram: dias para germinação, dias para floração, dias para maturação, largura, comprimento e número de lóculos da vagem, comprimento e largura da semente. A análise de componentes principais foi realizada a partir das médias dos dados. Os autovalores e autovetores associados foram calculados a partir da matriz de correlação. Além disso, com base nos componentes principais, construiu-se um gráfico biplot plotando o primeiro componente com o segundo componente principal. As análises foram realizadas com o auxílio do programa estatístico R. Observou-se que os componentes principais foram capazes de explicar 83,7 % da variação entre os genótipos de feijão-fava. Os caracteres largura da vagem, comprimento da semente, número de semente da vagem e o número de lóculos da vagem formaram o primeiro componente principal formando o grupo de vagens-sementes. Enquanto que, para o segundo componente foi formado pelos caracteres dias para floração, dias para germinação e dias para maturação, os que mais se destacaram, assim, sendo os de ciclo da planta. Logo, os acessos BGP995, BGP970, BGP1030 e o BGP1000 estão associados aos caracteres comprimento da vagem, largura da vagem, comprimento da semente, número de semente, número lóculos da vagem e os acessos BGP 1015, BGP 1027, BGP 1024, BGP 976 aos caracteres dias para maturação, dias para germinação e dias para floração, importantes na seleção de genótipos de feijão-fava para sua conservação e melhoramento genético.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L; Caracterização morfoagronômica; Variabilidade genética.

Agradecimentos: CNPq, UFPI.



CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE *STYLOSANTHES* CULTIVADO EM DOIS AMBIENTES

Ronaldo Simão de Oliveira¹; Manoel Abílio de Queiróz²; Bruno Augusto de Souza Almeida³, ⁴Diego Bazan Generozo

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano. ²Universidade do Estado da Bahia. ³Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia; ⁴Serviço Social da Indústria. *ronaldo.oliveira@ifbaiano.edu.br

A região Semiárida do Brasil tem muitas espécies nativas com potencial forrageiro envolvendo tipos semiarbusculosos e herbáceos, incluindo o gênero *Stylosanthes* (forrageira leguminosa) recurso genético de grande importância econômica que pode contribuir para alavancar a pecuária. Os australianos fizeram coletas desse gênero na Bahia em 1903 e foram os primeiros a fazer o melhoramento dessa leguminosa na década de 40. Já existem programas de melhoramento de *Stylosanthes* spp. para os Cerrados brasileiros que liberaram as cultivares Estilosantes Campo Grande e a cultivar BRS Bela, porém, no Semiárido brasileiro os estudos apresentam resultados importantes, contudo, são pontuais. Diante dos resultados preliminares obtidos no Banco de Germoplasma de Forrageiras da Universidade Estadual de Feira de Santana (BGF-UEFS) e considerando a real necessidade de aprofundar os estudos, o objetivo deste trabalho foi estimar a interação genótipo x ambiente e as correlações fenotípicas e genotípicas em 25 acessos de *Stylosanthes* pertencentes ao BGF-UEFS cultivados em Feira de Santana e Juazeiro, ambos na Bahia, incluindo a cultivar Estilosantes Campo Grande, como testemunha. Foram usados descritores bromatológicos (Massa Seca Total – MST; Relação Folha/haste – RFH; Matéria Seca – MS; Matéria Morta – MM; Fibra em Detergente Neutro – FDN; Fibra em Detergente Ácido – FDA; e Proteína Bruta – PB), importantes no melhoramento de espécies do gênero. Os experimentos foram feitos em 2012 e 2013, em blocos casualizados completos com quatro repetições. As análises estatísticas foram feitas no programa GENES. Observou-se interação significativa para todos os caracteres indicando desempenho diferencial dos genótipos nos dois ambientes, exceto para RFH. Os coeficientes de variação oscilaram entre baixa e média magnitude e a MS, FDN, FDA e PB apresentaram interação do tipo complexa (decomposição abaixo de 48%). As correlações genotípicas e fenotípicas apresentaram valores acima de 0,7 para MST, RFH e MM, enquanto MS, FDN e PB foram não significativas. As correlações genéticas foram superiores em relação às correlações fenotípicas, porém, com mesmo sinal nos dois ambientes, resultados estes que corroboram com a decomposição da interação e indicam que para os descritores de maior importância bromatológica existe forte influência do ambiente. Assim, deve-se priorizar a seleção indireta para genótipos de *Stylosanthes* nas condições estudadas.

Palavras-chave: Germoplasma; forrageira nativa; Semiárido brasileiro.

Agradecimentos: À CAPES pela bolsa concedida e ao CNPQ pelo auxílio financeiro nos projetos.



CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DE CARACTERES QUANTITATIVOS EM PIMENTAS

Bruna Dias Gomes Brilhante¹; Leandro Heitor Rangel²; Raissa Olmo Lacerda Pirovani³; José Dias de Souza Neto⁴; Cíntia dos Santos Bento⁵; Monique Moreira Moulin⁶

¹Universidade Federal do Espírito Santo. ²Instituto Federal do Espírito Santo. ³Instituto Federal do Espírito Santo. ⁴Instituto Federal do Espírito Santo. ⁵Universidade Federal do Espírito Santo. ⁶Instituto Federal do Espírito Santo. * brunabrilhante@hotmail.com

Pimentas do gênero *Capsicum* spp. apresentam ampla variabilidade genética, disponibilizando grande potencial de genes e alelos de interesse para programas de melhoramento. Estudos que quantificam a contribuição de caracteres são de fundamental importância, pois permitem identificar e selecionar as características que contribuem com maior grau de diferenciação entre os genótipos, possibilitando, ainda, a exclusão dos que menos contribuem, em futuras avaliações de caracterização, reduzindo e barateando o trabalho, bem como otimizando o uso do tempo. Neste estudo, objetivou-se estimar a contribuição relativa entre 69 acessos de pimentas do gênero *Capsicum* spp., a partir de 14 caracteres quantitativos, baseando-se no método de Singh (1981). A análise foi realizada com o auxílio do programa Genes. Os caracteres avaliados e suas respectivas contribuições relativas foram: comprimento da folha (0,17%); largura da copa (0,75%); diâmetro do caule (1,09%); comprimento do estigma (1,51%); comprimento da antera (1,83%); largura da folha (1,92%); comprimento do pedúnculo (2,16 %); diâmetro da flor (2,31 %); altura da planta (3,07%); massa média do fruto (3,26%); espessura do pericarpo (5,49 %); comprimento do pecíolo (7,02%); diâmetro do fruto (10,71%) e comprimento do fruto (58,72%). Os resultados indicaram que o método de Singh foi eficiente para constatar a contribuição individual de cada característica para a diversidade genética total, sendo que as características de frutos foram as que mais contribuíram.

Palavras-chave: *Capsicum* spp; contribuição relativa; caracterização morfoagronômica.



CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS DE TRÊS ACESSOS DE CAMBUÍ

Yesenia Mendoza García^{1*}; Eurico Eduardo Pinto de Lemos²; Ana Luiza Coeli Cruz Ramos³; Júlio Onésio Ferreira Melo⁴

¹Universidade Federal de Alagoas, Maceió-AL. ²Universidade Federal de Alagoas, Maceió-AL. ³Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte-MG. ⁴Universidade Federal de Sete Lagoas, Sete Lagoas-MG *jenny_thesiba@hotmail.com

Dentre as espécies pouco conhecidas do Brasil e com grande potencial econômico, encontra-se o cambuí. O cambuí é uma árvore encontrada nos biomas da Mata Atlântica e Cerrado, principalmente nas regiões litorâneas dos estados de Sergipe e Alagoas. A espécie apresenta uma grande variabilidade, a qual é diferenciada pela coloração de seus frutos, os quais variam do alaranjado ao roxo. O objetivo do estudo foi caracterizar frutos de três acessos de cambuizeiros diferenciados pela sua coloração alaranjada, vermelha e roxa, quanto a suas propriedades físico-químicas, compostos fenólicos e atividade antioxidante. Foram colhidos frutos dos acessos AC132 (vermelho), AC136 (alaranjado) e AC160 (roxo) do Banco Ativo de Germoplasma de Cambuí, pertencente ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL). Os frutos foram colhidos no estágio de maturação fisiológica e as análises realizaram-se no Laboratório de Biotecnologia Vegetal do CECA/UFAL. Foi avaliado o peso do fruto (PF), peso da semente (PS), peso da polpa (PP), número de sementes (NS), diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT), firmeza, pH, teor de sólidos solúveis (SS), acidez titulável (AT) e relação SS/AT, atividade antioxidante total e compostos fenólicos conforme. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com três tratamentos e quatro repetições de trinta e dois frutos. Os resultados foram analisados estatisticamente utilizando o software Sisvar, versão 5.7, onde foi aplicado o teste de Tukey ao nível de 5% de significância. Para a avaliação dos compostos fenólicos totais e atividade antioxidante, os resultados foram expressos em média $\pm$ desvio padrão. Houve diferença significativa entre os acessos. Os frutos de coloração roxa apresentaram maior firmeza (5.67 N), no entanto, estatisticamente foram iguais entre si. Os frutos de coloração vermelha apresentaram melhores conteúdos em SS (17.65°Brix), AT (4.93 % de ácido cítrico) e SS/AT (3.58), já os frutos de coloração alaranjada apresentaram maior capacidade antioxidante (534.83 μ M Trolox. 100g⁻¹), enquanto os frutos roxos apresentaram maior conteúdo de fenóis totais (279 mg ácido gálico. 100g⁻¹). A composição físico-química dos frutos de cambuí o torna uma opção atraente para seu consumo tanto in natura como industrializados, além de ser uma qualidade a ser considerada para seleção de variedades, assim, é necessário explorar melhor a espécie

Palavras-chave: Myrtaceae; Myrciaria floribunda; frutos nativos.

Agradecimentos: À FAPEAL, UFAL e CAPES pelo apoio financeiro.



AVALIAÇÃO DE BACABEIRAS DE LEQUE DO MUNICÍPIO DE MARABÁ-PA

Alynn Regina Nazaré Alves Maciel¹; Maria do Socorro Padilha de oliveira²

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ² Pesquisadora na EMBRAPA Amazônia oriental. *alynnemaciel10@gmail.com

Oenocarpus distichus Mart. popularmente conhecida como bacaba-de-leque por conta da disposição das suas folhas, é uma palmeira de uso integral. O grande potencial econômico está em seus frutos para a agroindústria alimentícia, seja de polpa processada ou de óleo, pois apresentam características de alimento funcional, trazendo além da nutrição para o corpo benefícios à saúde. Contudo há poucos estudos que venham subsidiar informações para o manejo das áreas de ocorrência. Objetivou-se avaliar bacabeiras de leque do município de Marabá, PA. Em uma população desse município foram estudados 12 indivíduos dessa espécie que apresentavam fase reprodutiva e com cacho maduro. De cada planta foi retirado um cacho para a avaliação de três caracteres, além de serem retirados ao acaso dez frutos para serem avaliados por oito caracteres. Os dados obtidos foram organizados em planilhas do Excel e submetidos a análise de estatísticas descritiva envolvendo valores máximo, mínimo, médio e coeficiente de variação. Os indivíduos apresentaram cacho pesado, com peso médio de 8,3 kg podendo alcançar até 21kg; 140 raquilas; e 47,6 cm de raque. No caso dos frutos, as médias foram de 20,4mm e 17,5 mm para os diâmetros longitudinal e transversal, respectivamente com formato ovalado. O peso médio dos frutos foi de 4,2g sendo que, desse total 1,8g foi representado pela parte comestível (casca+polpa), considerado como alto rendimento (42%), podendo alcançar até 48%, o que demonstra excelente rendimento ao mercado de polpa processada e bem acima da média do açazeiro. A espessura da amêndoa e polpa foram de 6,9 e 1,6 mm respectivamente. Tais resultados levam a crêr que os frutos dos indivíduos avaliados de *O. distichus* do município expressaram caracteres morfológicos desejáveis ao mercado de polpa, uma vez que cinco deles apresentaram diâmetros e peso dos frutos inferiores à média geral, dando a entender que são frutos pequenos e metade exibiu rendimento de polpa superior à média. Portanto, os indivíduos de *O. distichus* caracterizados possuem diferenças para caracteres de cacho e fruto, onde se pode evidenciar indivíduos com um maior potencial produtivo.

Palavras-chave: Palmeiras; *Oenocarpus*; potencial produtivo

Agradecimentos: A FAPESPA pela concessão de bolsa e à Embrapa Amazônia Oriental.



AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TOMATE UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES DO TIPO ISSR

João Carlos Cansian Junior^{1*}; Monique Moreira Moulin¹; Vinicius Alves Porto Rodrigues¹; Rafael de Almeida¹; Israel Felipe Gonçalves Soares¹; Felipe Cruz Paula¹; Larissa de Carvalho Nascimento¹; José Dias de Souza Neto¹

¹Instituto Federal do Espírito Santo – Campus de Alegre. *joaocj27@gmail.com

O tomate é uma hortaliça largamente cultivada no mundo com grande relevância social, econômica e nutricional. A diversidade genética desempenha um papel fundamental na melhoria de características importantes como resistência às doenças, produção e qualidade nutricional do fruto. Dentre outros tipos de caracterizações, a caracterização molecular possibilita estimar a diversidade genética. O marcador molecular do tipo *Inter simple sequence repeat amplification* (ISSR), possui como vantagens o baixo custo, elevado grau de polimorfismo e alta reprodutibilidade. Diante disso, objetivou-se no presente trabalho realizar o estudo de divergência genética entre 36 acessos de tomate oriundos da região sul do estado do Espírito Santo, utilizando marcadores moleculares do tipo ISSR. O trabalho foi realizado com 36 acessos de tomate e 4 repetições em delineamento em blocos casualizados (DBC). Posteriormente foram realizadas as análises de caracterização molecular, na qual foram coletadas folhas de cada acesso de tomate para a extração de DNA. Foi realizada uma triagem de temperatura com 145 iniciadores de ISSR, sendo então selecionados 58 iniciadores que apresentaram bandas nítidas. Entretanto, apenas 8 iniciadores foram considerados polimórficos, o que pode estar associado ao local de coleta dos acessos, isso porque vários produtores cultivam os mesmos acessos/ genótipos, mas com denominações diferentes. Além disso, é uma prática frequente a troca de sementes entre os agricultores familiares de Venda Nova do Imigrante, Domingos Martins e Conceição de Castelo, cidades em que esses acessos foram coletados. Os oito iniciadores polimórficos amplificaram ao todo 134 bandas, sendo 109 bandas monomórficas e apenas 25 bandas polimórficas, o que também sugere possíveis duplicatas entre os acessos e esse intercâmbio de sementes entre os produtores rurais. A média total de bandas por iniciador foi de 16,75 bandas, sendo de 13,625 de bandas monomórficas e 3,125 de bandas polimórficas. Observou-se uma baixa variabilidade genética entre os acessos de tomate coletados, sugerindo a existência de duplicatas. Esse é um resultado de extrema importância para o trabalho do melhorista, uma vez que acessos duplicados ou redundantes em um banco de germoplasma aumentam o trabalho e o tempo requerido para a execução dos projetos e volume de material em bancos de germoplasma sem que haja necessidade.

Palavras-chave: diversidade genética; ISSR; *Solanum lycopersicum*.

Agradecimentos: Ao IFES pela estrutura disponível e à FAPES pela concessão de bolsa ao primeiro autor.



CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE POPULAÇÕES DE MILHO PARA ENSAIO DE VALOR DE CULTIVO E USO

Rafael de Almeida^{1*}; João Carlos Cansian Júnior¹; Vinícius Alves Porto Rodrigues¹; Lorena Souza Mauricio¹; Israel Felipe Gonçalves Soares¹; Felipe Cruz Paula¹; Ana Paula Cândido Gabriel Berilli¹; Monique Moreira Moulin¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo.

*rafael.t.dealmeida@gmail.com

O milho (*Zea mays* L.), é considerado o principal e mais antigo cereal ligado a soberania alimentar e nutricional, sendo seu cultivo iniciado por povos indígenas americanos entre 7 e 10 mil anos atrás. Objetivou-se determinar por meio de descritores o Valor de Cultivo e Uso (VCU) de nove populações de milho de polinização aberta, sendo duas, desenvolvidas do Programa de Melhoramento Genético do Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Espírito Santo (IFES) intituladas de Ifes pop. 1 e Ifes pop. 2, e pretende-se obter registro das mesmas junto ao Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA). As outras sete populações de milho, Cachoeira, Cravo, Sol da Manhã, Caiano de Alegre, Maia Braquítico, Caboclo e Fortaleza, são testemunhas já registradas no MAPA. O delineamento experimental utilizado foi Delineamento em Blocos Casualizados (DBC) com cinco blocos e nove tratamentos. Cada tratamento equivale a uma população de milho, plantados em fileira dupla de quatro metros de comprimento, espaçadas 1 m entre fileiras, e 0,2 m entre covas formando em cada bloco nove parcelas experimentais com 40 plantas cada. Foram avaliados os descritores: forma da ponta da folha, florescimento masculino, florescimento feminino, diferença entre os florescimentos masculino e feminino, altura de plantas, altura de espigas. Para identificação de diferenças significativas entre os tratamentos foi feito análise de variância pelo teste F. Identificadas as diferenças significativas entre os tratamentos, foi efetuado o teste de comparação de médias Scott Knott, a 1% de probabilidade. Para tanto, os dados obtidos foram analisados utilizando-se os recursos computacionais do programa R Development Core Team. Em todas as populações de milho, encontrou-se a forma da ponta da folha pontiaguda. As menores médias de florescimento feminino (49,8 dias do plantio) e florescimento masculino (54,2 dias do plantio) foram encontradas para a população Sol da Manhã. O maior valor encontrado referente à diferença entre os florescimentos masculino e feminino foi de 6,8 dias para as populações Cravo e Caiano de Alegre. A altura de planta encontrada para a população Ifes pop. 1 foi de 1,82 metros, já a altura de espigas de 1,01 metros, ambas consideradas baixas facilitando a colheita. Foi possível constatar variabilidade entre os genótipos estudados e foram observadas características nas populações Ifes pop. 1 e Ifes pop. 2 favoráveis ao manejo e comercialização.

Palavras-chave: populações de milho; recursos genéticos; soberania alimentar.

Agradecimentos: Ao Ifes e a Fapes.



ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO EM POPULAÇÕES DE MILHO DE POLINIZAÇÃO ABERTA CONDUZIDOS NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO

Rafael de Almeida^{1*}; João Carlos Cansian Júnior¹; Vinícius Alves Porto Rodrigues¹; Lorena Souza Mauricio¹; Israel Felipe Gonçalves Soares¹; Felipe Cruz Paula¹; Ana Paula Cândido Gabriel Berilli¹; Monique Moreira Moulin¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo.

*rafael.t.dealmeida@gmail.com

O Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo (Ifes) iniciou em 2014 o seu Programa de Melhoramento Genético de milho, que pretende desenvolver, registrar e lançar no mercado cultivares de milho de polinização aberta, para serem alternativas aos agricultores capixabas, principalmente para a agricultura familiar. Para realizar o registro de uma nova cultivar no Registro Nacional de Cultivares (RNC) é necessário que este passe previamente pelo ensaio de determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU), ao qual consiste na determinação de características agronômicas intrínsecas da cultivar ou espécie em questão. Objetivou-se realizar o ensaio para determinação do VCU de cultivares de milho de polinização aberta, intituladas de Ifes pop. 1 e Ifes pop. 2, para serem alternativas aos agricultores capixabas. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados (DBC), sendo nove tratamentos, correspondente às populações de milho: Ifes pop. 1, Ifes pop. 2, Cachoeira, Cravo, Sol da Manhã, Caiano de Alegre, Maia Braquítico, Caboclo e Fortaleza, com cinco repetições. Foram avaliados os descritores: empalhamento, estande final, plantas quebradas, plantas acamadas, tipo de grãos e coloração de grãos. Para identificação de diferenças significativas entre os tratamentos foi feito análise de variância pelo teste F. Identificadas as diferenças significativas entre os tratamentos, foi efetuado o teste de comparação de médias Scott Knott, a 1% de probabilidade. Para tanto, os dados obtidos foram analisados utilizando-se os recursos computacionais do programa R Development Core Team. As populações Ifes pop. 2, Caboclo e Fortaleza não tiveram espigas mal empalhadas. O maior número de estande final, 33,8 plantas, foi encontrado para a população Caiano de Alegre. Os menores valores de plantas quebradas, 3,0 plantas, foi obtido pela população Fortaleza. O maior valor de plantas acamadas (10,0) foi encontrado para a população Cravo. As populações Ifes pop. 1 e Sol da Manhã apresentaram grãos duros, as demais de grãos dentados. A população Cachoeira teve a coloração de grãos amarela, todas as outras apresentaram grãos laranja. Foi possível constatar variabilidade entre os genótipos estudados e foram observadas características nas populações Ifes pop. 1 e Ifes pop. 2 favoráveis ao manejo e comercialização.

Palavras-chave: cultivares de milho; melhoramento genético; polinização aberta.

Agradecimentos: Ao Ifes por disponibilizar infraestrutura necessária e a Fapes pelo apoio financeiro.



GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE FRUTAS NATIVAS DA FLORESTA ATLÂNTICA EM DIFERENTES SUBSTRATOS

Debora Rocha Polli¹; Stefani Moreira da Costa¹; Tiago de Oliveira Godinho²;
Sarah Ola Moreira^{3*}

¹Instituto Federal do Espírito Santo campus Venda Nova do Imigrante (Ifes VNI).

²Reserva Natural Vale (Vale S.A.). ⁴Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). *sarah.moreira@incaper.es.gov.br

A determinação das condições ideais de germinação de sementes é indispensável para a conservação de materiais genéticos em banco de sementes. Fatores como substratos, temperatura e fotoperíodo alteram a velocidade e o vigor da germinação e precisam ser estabelecidos para cada espécie a ser armazenada, especialmente para frutas nativas da Floresta Atlântica, devido ao seu risco de erosão genética. O objetivo desse trabalho foi avaliar a germinação de sementes e o desenvolvimento das plântulas de espécies nativas da Floresta Atlântica em diferentes substratos. Para isso, sementes de pitanga (*Eugenia uniflora* L.), araçauína (*Psidium myrtoides* O. Berg), araçá (*P. cattleianum* Sabine), jenipapo (*Genipa americana* L.) e jerivá (*Syagrus romanzoffiana* (Cham.) Glassman) foram colocadas para germinar em quatro substratos: entre papel (EP), entre areia (EA), vermiculita (VE) e substrato comercial (SC). As sementes nos diferentes substratos foram acondicionadas em caixas gerbox e mantidas em câmara de germinação com temperatura de 25°C e fotoperíodo de 16h de luz. Foi avaliado o número de dias para germinação (DG), com contagem a cada três dias até a germinação de 90% das sementes. Nesse momento, foram medidos a massa de plântula (MP), o comprimento de raiz (CR) e da parte aérea (CA). Foram utilizadas quatro repetições de 25 sementes por espécie. Os menores DG foram obtidos em EP para pitanga (19 dias), araçauína (26 dias) e araçá (40 dias) e; em VE para jenipapo (42 dias). Aos 90 dias não foram observadas sementes de jerivá germinadas em nenhum substrato avaliado. Os CR foram de 72,53; 22,01; 88,58 e 28,56mm; os CA foram de 20,11; 23,26; 19,48 e 39,32mm; e a MP de 0,9711; 0,0384; 0,0106 e 0,1846 g, para pitanga, araçauína, araçá e jenipapo, respectivamente. Os substratos utilizados, especialmente EA, provocaram o estiolamento das raízes, notadamente para a pitanga e o araçá. As condições ideais de germinação e métodos para superação da dormência precisam ser melhor estudados para as espécies nativas da Floresta Atlântica, permitindo maior segurança no armazenamento de suas sementes.

Palavras-chave: sementes florestais; propagação de plantas; substratos para germinação.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (Fapes) e aos bolsistas de Iniciação Científica Júnior.



REAÇÃO DE SUBACESSOS DE MELOEIRO DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO MARANHÃO AOS DANOS DA *Diaphania hyalinata*

Clisneide Coelho de Amorim^{1*}; Bárbara Laís Ramos Barbosa¹; Milena dos Santos Coutinho²; Graziela da Silva Barbosa²; Manoel Abilio de Queiróz²

¹Universidade Estadual de Feira de Santana. ²Universidade Estadual da Bahia. *E-mail: clisamorim@yahoo.com.br.

O Nordeste brasileiro é responsável por 95% da produção brasileira de melão (*Cucumis melo* L.). Entretanto, as cultivares comerciais sofrem estresses bióticos que acometem a cultura e dentre eles a broca das cucurbitáceas causada pela *Diaphania hyalinata*. A identificação de genótipos resistentes é uma opção desejável, a fim de diminuir os custos com a utilização de pesticidas e amenizar os impactos ambientais. Assim, o presente estudo teve como objetivo avaliar a reação de subacessos de meloeiro da agricultura tradicional do Maranhão aos danos da *Diaphania hyalinata*. Para isso, o experimento foi conduzido no campo experimental do Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais (DTCS) da Universidade do Estado da Bahia (UNEB), localizada no município de Juazeiro-BA, e foram avaliados quatro subacessos BGME (77.1, 97.1, 108.1 e 109.1) e uma cultivar - Melão Amarelo como testemunha, em blocos casualizados com três repetições e cinco plantas por parcela. Aos 45 dias após o transplante, avaliou-se a incidência da praga na área foliar a partir de uma escala de notas: zero (altamente resistente), um (resistente - 1 a 20% de danos na área foliar), dois (moderadamente resistente - de 21 a 40%), três (moderadamente susceptível - de 41 a 60%), quatro (susceptível - de 61 a 80%) e cinco (altamente susceptível - mais de 80%). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância utilizando o programa Genes. Foi possível observar que os subacessos BGME 97.1 que pertence a variedade botânica *cantalupensis* e a testemunha apresentaram susceptibilidade moderada; os subacessos BGME (77.1 e 109.1) apresentaram-se moderadamente resistentes, compreendendo as variedades botânicas *momordica* e *conomon*, respectivamente, enquanto que o subacesso BGME 108.1 da variedade botânica *makuwa*, mostrou-se resistente aos danos da broca. Assim, foi possível inferir que existe variabilidade entre os subacessos avaliados, e que os resultados podem servir de base para estudos mais aprofundados visando a indicação de subacessos, ou até de plantas dentro de subacessos resistentes/tolerantes aos danos causados pela *Diaphania hyalinata* na cultura do meloeiro, a partir de germoplasma cultivado na agricultura tradicional.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., Germoplasma, inseto-praga.

Agradecimentos: À CAPES pela concessão bolsa, à Embrapa Semiárido pela cessão do germoplasma e à UNEB pelo apoio na infraestrutura.



ANÁLISE CONJUNTA DOS CARACTERES AGRONÔMICOS DE DOIS EXPERIMENTOS DE GENÓTIPOS DE SOJA CONDUZIDOS NA REGIÃO DA NOVA ALTA PAULISTA

Izabella Garbeline Okuma^{1*}; Rafael Simões Tomaz²; Ronaldo Cintra Lima²; Victor Hugo Cruz²; Artur Bernardeli Nicolai²; Melissa Alexandre Santos².

¹UNESP - FCAV. ²UNESP - FCAT. * izabella.garbeline@unesp.br

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill), tem grande potencial produtivo no Brasil devido as condições climáticas, características desejáveis de solo e por apresentar características inerentes aos materiais genéticos por nós utilizados, principalmente sua plasticidade fenotípica. Na região da Nova Alta Paulista, seu cultivo tem trazido benefícios, derivado em parte pelo sistema de cultivo, o SPD, que emprega o uso de forrageiras antes da implantação da cultura principal a fim de proporcionar condições que impulsionem seu crescimento. Neste trabalho, objetivou-se a avaliação dos caracteres agronômicos de genótipos de soja, implantada em SPD, visando a identificação daquelas mais adaptadas à região da Nova Alta Paulista. Os experimentos foram conduzidos na FCAT - Dracena, considerando duas safras agrícolas, 2016/2017 e 2017/2018, instalados segundo o delineamento de blocos casualizados balanceado, no quais foram avaliadas as cinco genótipos em cada qual. As genótipos AGROESTE 3730, CODETEC CD 2728 IPRO e POTÊNCIA BMX RR, comuns em ambos experimentos, foram utilizadas para análise conjunta dos dois anos. Foram avaliados os caracteres: altura de planta (H), altura da primeira vagem (Hpv), vagens totais (Vt), número de hastes (Nh), massa de mil grãos (Mmg), produtividade de grãos (Pg), palhada de soja (Ps) e população final de plantas (Pf). Foi realizada ANOVA o teste de Tukey para comparação de médias do desempenho das genótipos, para aquelas que apresentaram significância na análise de variância. As análises foram realizadas por meio do software GENES, e por meio de rotinas desenvolvidas pelos autores no Software livre R. O genótipo Agroeste 3730 apresentou estimativas adequadas de produtividade ($4702,27 \text{ kg.ha}^{-1}$) e produção de palha de soja ($4644,76 \text{ kg.ha}^{-1}$), com sistema de irrigação instalado, devendo ser recomendada para semeadura na região da Nova Alta Paulista, local onde foi realizado o estudo. O genótipo Agroeste 3730 proporcionou resultados consistentes em ambas as safras, destacando-se numericamente em relação às demais genótipos. Para a safra 2016/2017, o genótipo se destacou em cinco dos oito caracteres, e na safra 2017/2018, em quatro dos oito caracteres agronômicos.

Palavras-chave: Soja; produtividade; SPD.

Agradecimentos: CNPq - Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico; UNESP – FCAT (Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas).



CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE TREVO-ALEXANDRINO

Lucas Severo Gonçalves^{1*}; Jéssica Peres Pereira¹; Josiane Duarte de Carvalho¹; Ricardo Alexandre Valgas²; Fernanda Bortolini²

¹ Universidade Federal de Pelotas.

² Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.

* lucassevero315@gmail.com

A pecuária no Brasil tem seu maior sistema de produção a pasto, diante disso alternativas forrageiras rentáveis e produtivas são buscadas pelos órgãos de pesquisa e pelos produtores. O trevo-alexandrino (*Trifolium alexandrinum*) é uma leguminosa forrageira cultivada em vários países, podendo ser utilizada para pastejo direto, cobertura verde e também para silagem ou feno. O objetivo deste estudo foi avaliar as características morfológicas de uma população de trevo-alexandrino (LEG 1900), pertencente ao BAG de Leguminosas Forrageiras de Clima Temperado da Embrapa, no estágio inicial de desenvolvimento. O estudo foi conduzido em casa de vegetação na Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado, no município de Capão do Leão. As sementes dos 31 genótipos foram escarificadas e semeadas em tubetes no dia 12/03/20, após 60 dias foram transplantadas para 31 vasos de 14 litros contendo substrato comercial. A avaliação de 18 caracteres morfológicos foi realizada em torno de 100 dias após o transplante. Verificou-se que os genótipos não diferiram em relação a quatro características, apresentando folíolos e pecíolos pilosos, hastes glabras e ausência de máculas. Entretanto, foram observadas diferenças entre os genótipos para o restante dos caracteres avaliados. Apresentaram estatura variando de 15 a 67 cm, diâmetro de 10 a 65 cm, hastes de cores verdes a roxas, comprimento da maior haste variando de 17 a 76 cm, com número de nós da mesma variando de 7 a 23, o comprimento do folíolo principal variou de 2,1 a 5,7 cm e sua largura de 1,1 a 2,4 cm, o tamanho da estípula variou de 0,6 a 2,7 cm e o vigor inicial de 1 (ruim) a 5 (excelente). A partir dos resultados obtidos, com base na análise de dissimilaridade através do cálculo da distância euclidiana e análise de agrupamento pelo método da média das distâncias, os 31 genótipos avaliados foram agrupados em seis grupos distintos. O primeiro grupo reunindo seis genótipos que apresentaram valores próximos à média para a maioria das características; um segundo grupo reunindo 18 genótipos que apresentaram valores acima da média; um terceiro grupo com apenas dois genótipos; outro grupo com três genótipos, os quais apresentaram valores próximos ao mínimo para a maioria das características e outros dois grupos compreendendo um único genótipo isolado. Portanto, os genótipos da população de trevo-alexandrino apresentam variabilidade para a maioria das características avaliadas, permitindo o estabelecimento de agrupamentos e a seleção de genótipos superiores.

Palavras-chave: melhoramento genético; *Trifolium alexandrinum*, genótipos.

Agradecimentos: Fapergs e CNPq pelas bolsas concedidas aos dois primeiros autores.



RENDIMENTO DE PEPINEIRO CULTIVADO EM SOLUÇÃO NUTRITIVA SALINA ENRIQUECIDA COM POTÁSSIO.

Francisco Adênio Teixeira Alves^{1*}; Carla Jamile Xavier Cordeiro¹; Antonio Ariel Alves de Oliveira¹; Carlos Eduardo Alves de Oliveira¹; Mário Jonas Veras Costa¹; Matias de Sousa Dantas¹; Francisco de Assis de Oliveira¹.

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido (EFERSA). E-mail: adenio.a@hotmail.com

O pepino (*Cucumis sativus* L.) é uma hortaliça muito apreciada e consumida no Brasil, e sua produção pode ser afetada por fatores abióticos, como a salinidade da água ou do solo. Devido à necessidade do uso de água salina na agricultura, e a variabilidade genética de materiais, deve ser adotado manejo de irrigação ou fertirrigação que permita a produção satisfatória dessa cultura, a exemplo do manejo nutricional. Nesse sentido, para obter êxito no uso de água salina para produção agrícola, deve-se adotar técnicas que inibam ou minimizem o efeito deletério da salinidade sobre as plantas, de forma a manter o adequado equilíbrio nutricional, em especial quanto a nutrição potássica, pois é o segundo macronutriente mais recomendado para cultura do pepineiro e atua como antagonista do efeito da salinidade. Dessa forma, objetivou-se com essa pesquisa, avaliar o efeito do enriquecimento da solução nutritiva salina com potássio sobre rendimento de cultivares de pepineiro em sistema semi-hidropônico. O experimento foi realizado em casa de vegetação, onde foi instalado seguindo o delineamento de blocos casualizados, em esquema fatorial 2 x 4, com seis repetições, sendo duas cultivares [(C1- Targa (Isla®); C2 - Darlington (Seminis®)] fertirrigadas com 4 soluções nutritivas [S1 – solução padrão, S2 – Solução padrão + NaCl (3,4 dS m⁻¹); S3 – Solução padrão + NaCl (3,4 dS m⁻¹) + KCl (50%), S4 – Solução padrão + NaCl (3,4 dS m⁻¹) + KCl (100%)]. As variáveis analisadas foram número de frutos, tamanho, peso e produção. As cultivares estudadas apresentaram respostas diferentes as soluções nutritivas aplicadas, sendo que a cultivar Darlington foi mais produtiva na solução padrão e na condição de NaCl, porém a cultivar Targa responde melhor a adição de potássio na solução nutritiva. O enriquecimento com potássio da solução nutritiva não foi eficiente para reduzir o efeito do estresse salino na cultivar Darlington. O estresse salino na cultivar Targa é inibido enriquecendo-se com 50% de potássio na solução nutritiva.

Palavras-chave: *Cucumis sativus* L; Efeito osmótico; Produção.

Agradecimentos: Universidade Federal Rural do Semi-Árido (EFERSA) e ao CNPq



AVALIAÇÃO DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TOMATE UTILIZANDO CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS

Vinicius Alves Porto Rodrigues^{1*}; Monique Moreira Moulin¹; João Carlos Cansian Junior¹; Rafael de Almeida¹; Israel Felipe Gonçalves Soares¹; Felipe Cruz Paula¹; Larissa de Carvalho Nascimento¹; José Dias de Souza Neto¹

¹Instituto Federal Espírito Santo - Campus de Alegre. * viniciusbio1311@gmail.com

O tomate é uma das hortaliças mais cultivadas do mundo, sendo o Brasil o principal produtor desta hortaliça entre os países da América Latina. Existe um grande interesse por alimentos funcionais, que proporcionem benefícios médicos e de saúde, incluindo a prevenção e tratamento de doenças. O tomate é uma ótima fonte de nutrientes e componentes antioxidantes como por exemplo o licopeno, um carotenoide que reduz o risco de câncer, doenças cardiovasculares e outras doenças crônicas. Neste contexto, as caracterizações físico-químicas são muito importantes, pois nos possibilitam um amplo conhecimento dos recursos genéticos, que poderão ser utilizados em futuros programas de melhoramento, com o propósito de aumentar a presença de substâncias relevantes para saúde, sabor e um maior rendimento na indústria. Diante disto, objetivou-se no presente trabalho, fazer um estudo da divergência genética de 34 acessos de tomate provenientes da região sul do estado do Espírito Santo, utilizando-se caracterizações físico-químicas. As análises foram conduzidas nos meses de agosto e setembro de 2019, no Laboratório de Química Aplicada do Ifes Campus de Alegre, onde se realizou a determinação quantitativa dos descritores: sólidos solúveis totais, acidez total titulável, teor de cinzas, umidade e pH. Logo após, os dados de diversidade foram obtidos com utilização da distância generalizada de Mahalanobis e pelo método de agrupamento UPGMA, entre genótipos, com a formação de cinco grupos. O primeiro grupo foi constituído por acessos com altos valores de umidade, o segundo foi composto por acessos com baixos valores de acidez total titulável e sólidos solúveis totais, o terceiro grupo foi composto por acessos de umidade e acidez total titulável com baixos valores. O quarto grupo foi composto pelo acesso IFES 14, apresentando o valor de 4,3 para pH, o que lhe confere maior conservação após a colheita, e o quinto grupo foi composto pelo genótipo IFES 06, que teve um valor 7,2 de Brix°, que está ligado a um bom valor sensorial. Foi obtido uma gama de valores para os caracteres físico-químicos avaliados, o que pode atender a diferentes nichos de mercado.

Palavras-chave: banco de germoplasma, caracterização bromatológica, *Solanum lycopersicum*.

Agradecimentos: Ao IFES Campus de Alegre pela estrutura física utilizada para as análises e à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) pela bolsa concedida.



DETERMINAÇÃO DA TAXA FOTOSSINTÉTICA LÍQUIDA EM ACESSOS DE PINHEIRA (*Annona squamosa* L.) SUBMETIDOS AO ESTRESSE HÍDRICO

José Dailson Silva de Oliveira^{1*}; Renato Vieira de Carvalho Filho¹;
Wyslaine Larissa Almeida Santos Rocha e Silva¹; Leila de Paula Rezende¹;
Eurico Eduardo Pinto de Lemos¹

¹Universidade Federal de Alagoas, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Laboratório de Biotecnologia Vegetal. E-mail: jose.dailson@ceca.ufal.br

O cultivo da pinheira (*Annona squamosa* L.) no semiárido nordestino é uma escolha econômica para frutas frescas e uma das poucas frutíferas que possuem metabolismo com algumas adaptações às condições da região. A seleção de acessos com maior capacidade de adaptação às condições limitantes do semiárido é uma alternativa importante para os programas de melhoramento genético, uma vez que a escassez de água é uma realidade nos municípios produtores de pinha do Nordeste brasileiro. O objetivo deste trabalho foi avaliar a taxa fotossintética líquida (*A*) de mudas de dois genótipos de pinheira: a tradicional cv. Crioula (com cera nas folhas) e a cv. Verdinha (sem cera nas folhas), submetidas ao estresse hídrico. O experimento foi realizado em casa de vegetação em esquema fatorial 2 x 4, sendo duas cultivares de pinheira e 4 tempos (0, 3, 6 e 9 dias) de estresse hídrico após a suspensão da irrigação. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado (DIC) com 6 repetições. Mudas enxertadas das duas cultivares foram produzidas em sacolas plásticas e posteriormente transferidas para vasos de 20 litros contendo substratos composto por esterco bovino e terra na proporção 1:3. As medições foram feitas 100 dias após o transplante das mudas para os vasos. Para as medições da taxa de fotossíntese líquida usou o analisador de gases a infravermelho (IRGA) LI 6400XT (LI-COR, USA), em concentração de CO₂ e umidade ambiente. A densidade de fluxo de fótons fotossintéticos no IRGA foi fixada em 1000 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ com uma fonte de luz artificial. Apesar de não haver diferença estatística entre as cultivares, observou-se que houve uma redução da taxa fotossintética líquida, de 21,76 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para 7,52 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{s}^{-1}$ na 'Crioula' e de 22,07 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para 4,37 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{s}^{-1}$, na 'Verdinha', no terceiro dia de restrição hídrica em comparação com as plantas do regime irrigado. Aos 6 dias de estresse, as plantas mantiveram a taxa fotossintética praticamente estável. e durante o estresse máximo, observado aos 9 dias após a suspensão da irrigação, foi verificado outra queda acentuada da taxa fotossintética, chegando a 1,63 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para cv. crioula e 0,80 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{s}^{-1}$ para cv. verdinha. É possível concluir que não houve alteração na taxa fotossintética líquida (*A*) que comprovasse maior adaptabilidade ao estresse hídrico entre as duas cultivares, sendo necessário o estudo de outros parâmetros fotossintéticos para determinar com maior precisão a capacidade adaptativa dos genótipos.

Palavras-chave: semiárido; variabilidade genética; anonácea.



DETERMINAÇÃO DE VITAMINA C EM FRUTOS DE BIRIBAZEIRO (*Annona mucosa* Jacq.)

José Dailson Silva de Oliveira^{1*}; Leila de Paula Rezende¹; Cibele Merched Gallo²; Wyslaine Larissa Almeida Santos Rocha e Silva¹; Everton Ferreira dos Santos¹; Eurico Eduardo Pinto de Lemos¹;

¹Universidade Federal de Alagoas, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Laboratório de Biotecnologia Vegetal. ²Faculdade São Vicente de Pão de Açúcar. E-mail: jose.dailson@ceca.ufal.br

A *Annona mucosa* Jacq. popularmente conhecida como biribazeiro, é uma árvore frutífera nativa da América Central e América do Sul. Sua distribuição ocorre por todas as regiões brasileiras. Seu consumo geralmente é realizado in natura, mas pode ser utilizada para a produção de sucos e vinhos. A crescente demanda por frutíferas de alto valor quantitativo e qualitativo estimula os trabalhos de seleção de plantas matrizes voltadas para o pré-melhoramento genético. Uma característica qualitativa importante para a seleção dessas plantas é o teor de Vitamina C (ou ácido ascórbico – AA), que é encontrada na natureza em forma reduzida ou oxidada e contribuem com fatores essenciais à saúde. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi determinar o teor de vitamina C na polpa de frutos de biribazeiro em duas safras diferentes: abril e novembro de 2019. O trabalho foi conduzido no laboratório de pós-colheita do Campus de Engenharias e Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL) e os frutos foram colhidos no Banco Ativo de Germoplasma de Anonáceas. Foram estabelecidos 2 tratamentos e 16 repetições, em delineamento inteiramente casualizado (DIC). O teor de ácido ascórbico foi determinado por meio do método amido-iodo, no qual pesou-se 10 g da polpa do fruto em erlenmeyer de 100 mL e em seguida foi adicionado 50 mL de água destilada. A amostra foi homogeneizada, posteriormente foi adicionado 2 mL da solução previamente preparada de ácido sulfúrico ($H_2SO_4 - 2N$), 1 mL de iodeto de potássio ($KI - 10\%$) e 1 mL da solução de amido a 10%. Em seguida, a amostra foi titulada com iodato de potássio ($KIO_3 - 0,01 N$), em uma bureta graduada de 25 mL até o ponto de viragem, quando a amostra começou a adquirir coloração marrom. Os resultados foram expressos em $mg.100g^{-1}$. Os frutos de *A. mucosa* apresentaram teores de ácido ascórbico relativamente elevados com média máxima de $169 mg.100g^{-1}$ e mínima de $106,46 mg.100g^{-1}$, na primeira safra (abril); e valores entre 154,4 e $133,3 mg.100g^{-1}$, na segunda safra (novembro) (CV 25,26%). Não houve diferenças estatísticas significativas entre os teores de vitamina C da polpa dos frutos entre safras, no entanto, foi possível observar que a *A. mucosa* Jacq. apresenta alto teor de ácido ascórbico quando comparado com frutos de outras espécies de frutas, indicando um interessante potencial nutricional desta cultura.

Palavras-chave: Plantas nativas, Anonáceas, Ácido ascórbico.

Agradecimentos: Universidade Federal de Alagoas (UFAL)



AVALIAÇÃO DE BACABEIRAS DE LEQUE NO MUNICÍPIO DE SÃO JOÃO DO ARAGUAIA- PA

Alynnne Regina Nazaré Alves Maciel¹; Maria do Socorro Padilha de oliveira²

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ² Pesquisadora na EMBRAPA Amazônia Oriental. *alynnemaciel10@gmail.com

A bacaba-de-leque (*Oenocarpus distichus* Mart.) é uma palmeira arbórea nativa da Amazônia de estipe único, cuja principal característica é a distribuição das folhas em formato de leque. Apesar de ter uso múltiplo, seu potencial econômico e ecológico está nos frutos, sendo usados para no processamento da polpa e na extração do óleo, que vem ganhando notoriedade nas últimas décadas por se caracterizar como alimento funcional. Entretanto, estudos voltados para populações naturais dessa espécie e que possam subsidiar em seus manejos são escassos. Dessa forma, objetivou-se avaliar bacabeiras de leque no município de São João do Araguaia - PA. Foram avaliados 12 indivíduos dessa palmeira que se apresentavam em pleno período de frutificação e com cachos maduros. De cada indivíduo foi retirado um cacho para avaliação de três caracteres e de cada cacho uma amostra de dez frutos ao acaso para serem mensurados oito caracteres. Os dados obtidos foram organizados em planilhas do Excel e submetidos a análise de estatísticas descritiva simples, envolvendo valores médios, máximos, mínimos e coeficientes de variação. Os cachos avaliados apresentaram peso médio de 16,5 Kg podendo alcançar até 29kg, com médias de 154 ráquias por cacho e raque de 59,8 cm de comprimento. Os diâmetros longitudinal e transversal dos frutos alcançaram 19,3 mm e 15,7mm, respectivamente sugerindo formato ovalado. O peso médio do fruto foi de 2,9 g com 1,2g representando a parte comestível (casca+polpa), ou seja, 42,1% de rendimento, podendo alcançar até 48,6%. As espessuras da amêndoa e da polpa foram de 6,2 e 1,5 mm respectivamente. Tais resultados indicam que as bacabeiras de leque expressam caracteres morfológicos desejáveis ao mercado de polpa, uma vez que metade deles possui frutos de diâmetros e peso inferior à média, levando a crer que são pequenos, além de seis deles terem rendimentos de polpa superiores à média. Portanto, as bacabeiras avaliadas possuem variações para caracteres de cacho e fruto, onde se pode evidenciar indivíduos com um maior potencial produtivo à agroindústria alimentícia.

Palavras-chave: Palmeiras; *Oenocarpus distichus*; caracteres

Agradecimentos: A FAPESPA pela concessão de bolsa e à Embrapa Amazônia Oriental.



Avaliação e seleção de densidade de semeadura em variedades crioulas de feijão-fava

Giovanna Maria Resplandes Mendes¹; Pedro Emartino Bezerra Campelo¹; Clemilton da Silva Ferreira²; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹.

¹Universidade Federal do Piauí. ²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará. *giovannaresplandes@ufpi.edu.br.

Pesquisas com o melhoramento genético do feijão-fava ainda são iniciais no Brasil, o que pode ser atribuído à pequena quantidade de estudos direcionada por órgãos de pesquisa, e a falta de cultivares melhoradas e recomendadas para as regiões produtoras. Logo, o produtor cultiva variedades crioulas, que apresentam variabilidade quanto aos aspectos de produção. Dessa forma, objetivou-se identificar genótipos superiores de feijão-fava, mensurando o comportamento dos caracteres morfológicos relacionados à cultura em diferentes arranjos populacionais. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados (DBC) em fatorial com os cinco genótipos (UFPI1299, UFPI1297, UFPI1246, UFPI1235 e UFPI 1266) e duas densidades de plantio (12500 covas/hectare e 25000 covas/hectare) distribuídos em quatro repetições. As parcelas, de 3,2 m x 4,0 m, possuíam quatro fileiras, espaçadas de 0,80 m, e entre plantas de 1,0 m e 0,5 m. Os caracteres avaliados foram comprimento, largura e espessura de vagem e de grão e número de grãos por vagem, sendo em seguida avaliados por teste de média de Tukey. A análise foi realizada por meio do programa estatístico R. Considerando os diferentes descritores, todas as variedades analisadas obtiveram algum destaque, com exceção para número de grãos por vagem. Entretanto, é importante observar que a maior densidade populacional, de 25.000 covas/hectare, obteve destaque para as características onde ocorreu interação significativa (espessura de vagem, comprimento do grão, largura do grão e espessura do grão) sendo inclusive o mais indicado para as seguintes variedade crioulas: UFPI1266 para espessura de vagem, UFPI1235 para comprimento do grão e largura do grão e UFPI1246 para espessura do grão. As variedades crioulas apresentaram variabilidade quanto às suas características morfológicas e às densidades de plantio. O adensamento da população para 25.000 covas/hectare foi positivo para as características avaliadas, quando comparado à densidade de 12500 covas/hectare, sendo interessante submeter as variedades a outros arranjos populacionais.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L; diferentes arranjos populacionais; caracterização morfoagronômica.

Agradecimentos: à UFPI, FAPEPI e IFCE – Campus Tianguá.



PRODUÇÃO DE FEIJÃO-CAUPI COM BACTÉRIAS E MICRORGANISMOS EM CULTIVO PROTEGIDO

Ariana Lisboa Meira¹; Maurício Santos Souza Gusmão¹; Ingrid Cardoso Moraes¹; Joseani Santos Ávila¹; Joelma da Silva Santos¹; Divino Levi Miguel¹; Cláudio Lúcio Fernandes Amaral^{2*}

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista, BA.

²Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, BA *E-mail do autor apresentador: arilismeira@yahoo.com.br

O feijão-caupi fornece grãos (secos e verdes) de alto valor nutritivo que contém todos os aminoácidos essenciais, sendo amplamente cultivado e consumido na região Nordeste, possuindo ampla diversidade genética de cultivares. O objetivo do trabalho foi avaliar a produção em cultivares de feijão-caupi inoculado com EM (microrganismos eficazes) e FBN (bactérias fixadoras de nitrogênio) em cultivo protegido. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), campus de Vitória da Conquista – BA. Os tratamentos consistiram de 2 cultivares, BRS Guariba e BRS Xique-xique; submetidas à inoculação com FBN, EM, FBN/EM, TR (testemunha relativa, ureia) e TA (testemunha absoluta, sem adubação nitrogenada em sementes não inoculadas), com delineamento experimental em blocos casualizados, no esquema fatorial 2 x 5, com 4 blocos e 2 repetições, totalizando 10 tratamentos e 80 parcelas. As variáveis avaliadas foram: comprimento de vagem (CV), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), massa de cem grãos (MCG), índice de grãos (IG) e produtividade (PROD). A cultivar BRS Guariba obteve maior CV, NVP, NGV, IG e PROD em relação da BRS Xique-xique. Não houve diferença em relação à variável MCG. Ocorreu interação entre cultivares e tratamentos, para as variáveis CV e IG. A BRS Guariba apresentou maior CV em relação à BRS Xique-xique para TA (21,29 e 18,33), inoculação com FBN (24,31 e 16,13) e para inoculação com FBN/EM (21,87 e 18,50). Em relação ao IG, a cultivar BRS Guariba foi superior à cultivar BRS Xique-xique para TR (80,18 e 78,58) e sementes inoculadas com FBN (54,61 e 59,78). A cultivar BRS Guariba foi superior em relação à BRS Xique-xique, para as variáveis de produção e as inoculações com FBN, EM e associação entre elas podem ser utilizadas, pois, para a maioria das variáveis analisadas, promove incremento em relação às testemunhas, o que pode possibilitar a redução do custo de produção em relação à adubação nitrogenada (ureia).

Palavras-chave: inoculação; produção de grãos; *Vigna unguiculata*

Agradecimentos: À FAPESB (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia), pela concessão de bolsa da primeira autora. À UESB e PPGAGRO (Programa de Pós-graduação em Agronomia), por permitir o ingresso na instituição e no programa de pós-graduação. Ao Cid Simões, engenheiro agrônomo da Ambiem, por ter cedido o EM.



PRODUTIVIDADE E SEUS COMPONENTES EM CULTIVARES DE FEIJÃO

Luiz Fernando Klein¹, Lucas Vinícius de Sousa Alcantara¹, Larissa Yuki Terada¹, Letícia Lunardi¹, Lucas Teixeira da Silva¹, Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: kleinluizfernando@gmail.com

O feijão corresponde a base alimentar do brasileiro, se busca em sua produção altos índices de produtividade e atender os requisitos nutritivos. Este trabalho teve como objetivo avaliar os componentes de rendimento e a produtividade de diferentes cultivares de feijão avaliados na safrinha 2019, na região Sudoeste do Paraná. O trabalho de campo aconteceu na área experimental da UTFPR Campus Dois Vizinhos-PR, na safra 2018/2019. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições, contando com 16 tratamentos sendo estes as cultivares BRS Expedito, Quero-Quero, ANFC COMP-02, Pérola, IPR Uirapuru, IPR Tangará, Bola Cheia, ANFP 110, ANFC-09, BRS Esteio, Nhambu, Bentevi, ANFP COMP-25, IAPAR 40, ANFC 05 e Campos Gerais. Sendo utilizado o teste de comparação de médias de Scott Knott. As características que foram avaliadas foram o número de vagens por planta, inserção da primeira e da última vagem e a produtividade em kg.ha⁻¹. Constatou que a altura de inserção da primeira e da última vagem havia variabilidade entre as plantas. Das cultivares avaliadas as que obtiveram melhores resultados em relação ao número de vagens por plantas (NVP) foram BRS Expedito, Pérola, Bola Cheia, ANFC-09, BRS Esteio e IAPAR 40. Já as cultivares que obtiveram melhores resultados de produtividade por kg.ha⁻¹, foi BRS Expedito, Quero-Quero, Pérola, IPR Uirapuru, IPR Tangará, Bola Cheia, ANFC-09, BRS Esteio, Nhambu, Bentevi, e Campos Gerais. Demonstrado os melhores resultados, a utilização destes cultivares na safrinha, tende a ser benéfico para com o produtor, demonstrado a sua potencialidade de produção.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* Melhoramento genético; Componentes do rendimento.

Agradecimentos: UTFPR Campus Dois Vizinhos pelo aporte financeiro e ao IAPAR pela cedência do material genético.



AVALIAÇÃO DE CACHOS EM ACESSOS DE PUPUNHEIRA CONSERVADOS NA EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL

Maria do Socorro Padilha de Oliveira¹

¹ Embrapa Amazônia Oriental. *socorro-padilha.oliveira@embrapa.br

A pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.), variedade *gasipaes* é uma palmeira que apresenta ampla diversificação de usos, cujos frutos podem atender a diferentes mercados (óleo, panificação, ração animal e cozidos para consumo direto). Seus cachos são bem vistosos, em função da variação dos frutos em cor, formato e peso, estando classificados em três grupos: microcarpa, mesocarpa e macrocarpa. Em vista da importância econômica internacional dessa espécie ao mercado de palmito muitas instituições de pesquisa passaram a estudar seu germoplasma, com escassez de informações das potencialidades dos acessos conservados em bancos e coleções sobre seus frutos, especialmente ao mercado de mesa. Portanto, para que o germoplasma conservado se torne viável se faz necessário realizar as atividades de caracterização e avaliação. O objetivo do trabalho foi avaliar cachos em acessos de pupunheira conservados na Embrapa Amazônia Oriental. Foram avaliados seis descritores em 1012 cachos colhidos, em 2018, de 47 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Pupunha, da Base Física de Tomé Açu, PA (autorização SISGEN AE30C75). Os dados foram organizados, digitados e analisados preliminarmente por meio de estatística descritiva. Os acessos produziram em média 22 cachos, com 16 acessos acima da média, sendo desejáveis ao mercado de mesa. O peso médio do cacho foi de 2,0 kg, variando de 1,0 kg a 3,6 kg, com 1,88 kg representando frutos, ou seja, altíssimo rendimento de frutos (acima de 90%) em todos os acessos, com destaque para 16 acessos. Em média, os cachos tiveram 35 ráquilas, raque de 31 cm de comprimento com frutos férteis e partenocárpicos pesando 19,5 g e 5,2 g, respectivamente. A maioria dos acessos apresentou apenas frutos férteis com, pelo menos, 20 deles possuindo frutos mesocarpa, grupo preferido no mercado de Belém. Os descritores número total de cachos, peso do cacho, peso de frutos por cacho e do fruto foram os que expressaram maiores variações entre os acessos. Tais resultados demonstram que a maioria dos acessos apresenta excelente possibilidade de serem indicados ao mercado de frutos para mesa.

Palavras-chave: *Bactris gasipaes*, Amazônia, Palmeira.

Agradecimentos: à Embrapa Amazônia Oriental.



AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE CACHOS EM ACESSOS DE ACESSOS DE PUPUNHEIRA CONSERVADOS NA EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL

Maria do Socorro Padilha de Oliveira¹

¹ Embrapa Amazônia Oriental. *socorro-padilha.oliveira@embrapa.br

Na região Amazônica o gênero *Bactris* se destaca como um dos mais importantes na alimentação da população local com a pupunheira (*B. gasipaes* Kunth) sendo a principal espécie e considerada de uso múltiplo. Nessa região seu cultivo para a produção de frutos é feito quase que exclusivamente por populações tradicionais e agricultores familiares, que abastecem os mercados local e regional para o consumo direto após cozimento, muito apreciado no lanche ou no café da manhã. Contudo, avanços no conhecimento, assim como a obtenção de produtos e processos voltados para a produção de cachos, frutos e qualidade de frutos dessa palmeira ainda são restritos ou inexistentes. O objetivo do trabalho foi avaliar a produção de cachos em acessos de pupunheira conservados na Embrapa Amazônia Oriental. Foi avaliada a produção de cachos em 50 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Pupunha, da Base Física de Tomé Açu, instalados em 2006, no espaçamento de 6 m x 4 m, e que estão em plena fase reprodutiva, com base em três descritores (autorização SISGEN AE30C75). Os dados foram obtidos para dois anos de produção de cachos (2017 e 2018). Em seguida, os dados foram organizados, digitados e analisados por meio de estatística descritiva. Todos os acessos produziram cachos nos dois anos do estudo. Em 2017, o número total de cachos (NTC), a produção total de cachos (PTC) e o peso médio do cacho (PMC) foram de 1253 cachos, 2976,84 kg e de 2,36 kg, respectivamente. Nesse ano as médias para número e produção de cacho foram de 25 e 59,5 kg nessa área, sendo que 17 e 21 acessos apresentaram valores superiores à média desse BAG. Em 2018, os valores foram menores com 1070 cachos, 2215,6 kg e 2,02 kg com médias de 22 cachos e 46,2 kg, onde quinze e dezesseis acessos se destacaram em relação à essas médias. Levando em consideração os dois anos, seis acessos mostraram-se desejáveis para os três caracteres. Tais acessos podem ser indicados para compor programas de melhoramento dessa palmeira com a finalidade de exploração de frutos.

Palavras-chave: *Bactris gasipaes*, Melhoramento genético, Germoplasma.

Agradecimentos: à Embrapa Amazônia Oriental.



DESVENDANDO A DIVERSIDADE DOS FEIJOEIROS MANTIDOS NAS PEQUENAS PROPRIEDADES RURAIS DE ITAOCARA-RJ

Cleiton Vasconcelos Vieira, Nayara Gomes da Silva, Eduardo Salomão Soares Filho, Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti, Cláudia Pombo Sudré, Rosana Rodrigues

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*E-mail: vasconceloscleiton@yahoo.com.br.

O estado do Rio de Janeiro é considerado região prioritária para coleta de feijão-comum. Tendo em vista que conhecer é condição imprescindível para valorizar e conservar, o objetivo do presente trabalho foi coletar e caracterizar a diversidade de feijões cultivadas por agricultores familiares no município de Itaocara, RJ. As coletas foram realizadas de setembro de 2019 a janeiro de 2020, em sete comunidades. Dezoito famílias foram visitadas, resultando na coleta de 42 amostras de sementes, sendo 35 de *Phaseolus vulgaris* L., duas de *P. lunatus* L.; três de *Vigna unguiculata* (L.) Walp.; uma de *Cajanus cajan* (L.) Millsp., e uma de *Canavalia gladiata* L. As sementes foram caracterizadas com base em seis caracteres qualitativos (padrão do tegumento, cor primária e secundária, brilho, forma e grau de achatamento) e três quantitativos (comprimento, espessura e altura), de acordo com lista de descritores proposta para cada espécie. Obteve-se a matriz de divergência genética pelo algoritmo de Gower e o agrupamento pelo método UPGMA. A análise separada das amostras de *P. vulgaris* resultou na formação de seis grupos. O Grupo I (n=1) foi formado pela única variedade da classe 'Carioca', caracterizada por semente de cor creme e listras largas cinza-esverdeadas e elíptica. Feijões do tipo "Roxinho" formaram o Grupo II (n=7), com sementes de coloração rosa, com brilho, predominantemente elípticas. As amostras do tipo "Preto", com brilho médio, e forma elíptica compuseram o Grupo III (n=11). O Grupo IV (n=2) reuniu variedades de sementes com coloração castanha, com listras castanho-avermelhadas, brilho médio, elípticas ou reniforme-médias, classe "Rajado". As classes "Manteigão" e "Branco" formaram os Grupos V (n=10) e VI (n=4), respectivamente, ambos com predomínio de sementes reniforme-longas e brilho médio. O estudo da diversidade genética de todas as espécies resultou na formação de cinco grupos, diferenciando *C. gladiata*, *P. lunatus* e uma amostra de *V. unguiculata* nos Grupos I, V e VI. *C. cajan* e duas amostras de *V. unguiculata* ficaram reunidas no grupo do feijão-comum, na classe do tipo "Preto". Os nove descritores utilizados foram eficientes para diferenciar os tipos comerciais. Os seis tipos encontrados demonstram que as famílias entrevistadas estavam manejando significativa diversidade de *P. vulgaris* e que outras quatro espécies leguminosas estão incorporadas às tradições alimentares e produtivas dos agricultores familiares do município.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; conservação *on farm*; agrobiodiversidade.

Agradecimentos: FAPERJ.



DIVERSIDADE E QUALIDADE DE SEMENTES CRIOULAS DE FEIJÃO-DE-CORDA EM FEIRA DE AGROBIODIVERSIDADE

Raquel Araújo Gomes^{1*}; Ana Cláudia Lima¹; Paola Cortez Bianchini¹; Jamille Cardeal da Silva²; Bárbara França Dantas¹.

Embrapa Semiárido¹. Universidade Estadual de Feira de Santana²
*raquel18ag@hotmail.com.

O feijão-de-corda (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma das culturas mais consumidas no Brasil. A agricultura familiar é responsável pela maior parte da produção dessa leguminosa, sendo utilizadas, principalmente, sementes que foram selecionadas e produzidas pelos próprios agricultores, definidas como sementes crioulas. Estas sementes apresentam grande variabilidade genética, alto potencial de adaptação em ambientes com características específicas e sua manutenção ocorre através de guardiões/guardiãs de sementes ou pela formação de bancos de sementes comunitários. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade e qualidade de sementes crioulas de feijão-de-corda trocadas/vendidas em uma feira de agrobiodiversidade em 2019. Foram obtidas 28 amostras doadas por 10 guardiões de sementes de diferentes localidades do Território do Sertão do São Francisco. Estas foram classificadas morfológicamente e avaliadas quanto à qualidade fisiológica das sementes (germinação e vigor). De acordo com as amostras, 64% pertencem à classe *Cores*, sendo dividida entre as subclasses *Mulato* (46%), *Rajado* (14%) e *Vinagre* (4%). Os outros 36% pertencem à classe *Branco*, dividida entre as subclasses *Olho-marrom* (32%) e *Branco* (4%). Nas amostras avaliadas, 61% apresentavam formato ovalado, 21% arredondado, 7% reniforme, 7% losangular rombóide, e 4% losangular achatada. A média do peso de 100 sementes das amostras foi de 22 g, variando entre 17,93 g a 28,10 g. O teor de água variou entre 7,36 a 12,48 %. A maioria das amostras apresentaram alta emissão de radícula. No entanto, apenas uma das amostras apresentou mais que 50% de plântulas normais. Foi observada alta porcentagem de plântulas deterioradas nas amostras coletadas, que possuem baixo vigor e pouco sucesso quando colocadas em campo. A avaliação da diversidade e qualidade de sementes crioulas é uma forma de contribuir com informações para o manejo dos roçados e a criação de métodos de beneficiamento e armazenamento das sementes que possam ser acessíveis às comunidades guardiãs de sementes. A partir do diagnóstico realizado conclui-se que as comunidades apresentam alta agrobiodiversidade, no entanto, tecnologias para manutenção da qualidade das sementes (secagem, beneficiamento e armazenamento) poderiam aumentar a qualidade de sementes trocadas/vendidas em feiras de agrobiodiversidade e assim o sucesso dos roçados das comunidades tradicionais.

Palavras-chave: feijão-de-corda; agrobiodiversidade; semiárido.

Agradecimentos: À Embrapa Semiárido pela estrutura física e aos guardiões e guardiãs da agrobiodiversidade que participaram da Feira e forneceram amostras de sementes para este trabalho.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS E CULTIVARES DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL CARIOCA

Rita de Cássia Santos Cortez^{1*}; Abiezer Santana Dalolio²; Letícia Elisiane Beluzzo³; André Sarabia Zamarian¹; Jessica Delfini³; José dos Santos Neto⁴; Vânia Moda Cirino⁴

¹Centro Universitário Filadélfia – UniFil. ²Universidade Pitágoras; ³Universidade Estadual de Londrina (UEL). ⁴Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná). *e-mail: ritacortez0513@gmail.com

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é considerado a principal leguminosa na dieta alimentar brasileira. Rica em proteínas, vitaminas, minerais e fibras, representa um dos produtos agrícolas de maior importância econômica e social. O melhoramento genético contribui significativamente para a cadeia produtiva do feijão, com destaque para o aumento de produtividade e a melhoria na qualidade dos grãos. Considerando a importância da caracterização de germoplasma para o desenvolvimento de novas cultivares, objetivou-se avaliar a diversidade genética de linhagens e cultivares de feijão do grupo comercial carioca por meio da caracterização morfológica e agrônômica. O experimento foi realizado na safra das águas de 19/20, na estação experimental de Londrina do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná). O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com três repetições e foram avaliadas 15 linhagens e as cultivares IPR Curió, IPR Sabiá e IPR Campos Gerais. A caracterização morfoagronômica foi realizada por meio dos 56 descritores propostos pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares do Ministério da Agricultura – SNPC/MAPA e nove variáveis de componentes de produção. Com as variáveis binárias, multicategóricas e quantitativas foi gerada a matriz de dissimilaridade de Gower e o agrupamento de Ward. Na análise de diversidade genética os genótipos foram divididos em três grupos: o primeiro, com a cultivar IPR Campos Gerais e as linhagens LP14, LP3, LP6, LP7, LP8 e LP12, as quais apresentaram maior produtividade; o segundo com a cultivar IPR Curió, único genótipo de hábito de crescimento determinado e o ciclo precoce; e o terceiro, com a cultivar IPR Sabiá e as linhagens LP13, LP4, LP1, LP2, LP5, LP9, LP10, LP11 e MD1, com maior altura de planta. Em relação a análise de importância relativa de caracteres para a divergência genética, as três variáveis que mais contribuíram para a diferenciação dos genótipos foram: largura de vagem, espessura de vagem e relação entre comprimento e largura da semente. Os descritores utilizados no experimento conseguiram diferenciar as cultivares e linhagens, de modo que as cultivares com maior potencial agrônômico e outras características desejáveis poderão ser registradas e protegidas no SNPC/MAPA.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; caracterização; melhoramento genético.

Agradecimentos: Ao IDR-Paraná pela infraestrutura e apoio no desenvolvimento da pesquisa e a Fundação Araucária pela concessão da bolsa de iniciação científica.



DIFERENTES SUBSTRATOS NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS DE ROMÃZEIRA

Clóvis Domingos da Silva Carvalho Diniz¹; Elma Machado Ataíde²; Débora Costa Bastos³; Jackson Mirellys Azevêdo Souza⁴

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco. ²Universidade Federal Rural de Pernambuco. ³Embrapa Semiárido. ⁴Universidade Estadual Paulista. *E-mail: clovisdomingos1999@gmail.com

A romãzeira (*Punica granatum* L.) é uma frutífera tropical, os frutos são apreciados tanto para o consumo *in natura* quanto processados. No Brasil, algumas variedades estão sendo cultivadas nos estados de São Paulo, Bahia e Pernambuco, principais fornecedores desta fruta nacionalmente. Seu cultivo, apesar de ocupar um nicho de produção e de mercado restrito, tem potencial como alternativa econômica na fruticultura das áreas irrigadas do semiárido nordestino. Face ao exposto, estudos que visem a melhoria das técnicas de produção de mudas são de grande relevância, especialmente as relacionadas aos substratos, já que os resultados apresentados por diversos autores ainda são inconsistentes. Assim, objetivou-se neste trabalho avaliar o uso de diferentes substratos no desenvolvimento de mudas de romãzeira. O trabalho foi conduzido em viveiro telado (50% sombreamento) na Unidade Acadêmica de Serra Talhada (UAST), a 07°59'31"S e 38°17'54"O e 530 m de altitude. As romãs foram colhidas maduras, sendo extraídas as sementes e imersas em solução de água destilada e açúcar (0,5g/mL) por 48 horas para remoção da sarcotesta. Posteriormente foi realizado semeio em bandejas de polietileno (12,5 cm de altura e 6,0 cm de diâmetro) a 3 cm de profundidade e inseridas nos substratos esterilizados (60min/120°C), com irrigação diária. O delineamento foi inteiramente casualizado, com quatro tratamentos: areia lavada, vermiculita de granulometria fina e média e fibra de coco, com cinco repetições de 20 sementes por parcela. Aos 195 dias, avaliou-se o comprimento da parte aérea e sistema radicular, diâmetro do caule, número de folhas, número de brotações, massa fresca da parte aérea e sistema radicular, massa seca da parte aérea e sistema radicular, e o índice de qualidade de Dickson. Os dados foram submetidos à análise de variância, e quando significativos aplicou-se o teste Tukey ($p < 0,05$), (SISVAR®). Observou-se que dos substratos utilizados na produção de mudas de romãzeira, a areia foi a que promoveu maior altura da parte aérea (21,36 cm) e diâmetro de caule (0,26 cm), e maior massa fresca e seca da parte aérea e sistema radicular (1,79; 1,17; 0,80 e 0,35 g) respectivamente, quando comparados aos demais substratos. Para o índice de qualidade de Dickson, tanto a areia quanto a vermiculita fina obtiveram maiores valores, apresentando-se como substratos potenciais para a produção de mudas de romãzeira. Por outro lado, as plântulas em fibra de coco morreram pós-emergência, evidenciando que, nestas condições, este substrato não é indicado para a produção das mudas.

Palavras-chave: desenvolvimento; *Punica granatum* L.; substrato.



INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJÃO

Luiz Fernando Klein¹, Lucas Vinícius de Sousa Alcantara¹, Larissa Yuki Terada¹, Letícia Lunardi¹, Rodrigo Evers¹, Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: kleinluizfernando@gmail.com

O feijão é uma cultura de suma importância em todo território nacional e o melhoramento genético da cultura tem trabalhado incessantemente para a obtenção de novas cultivares. Um dos entraves aos programas de melhoramento é a interação genótipo x ambiente que atua como um complicador no processo de seleção. O presente trabalho tem como objetivo a avaliação da interação genótipo x ambiente e o desempenho de linhagens avançadas (em estágio de avaliação em ensaios de valor de cultivo e uso) em dois ciclos de cultivo. Para isso foram conduzidos dois experimentos na área experimental da UTFPR Campus Dois Vizinhos-PR nas safras agrícolas 2016/ 2017 e 2017/2018. Em ambos os experimentos se adotou o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, tendo como fator genótipos quatorze linhagens avançadas e quatro cultivares como testemunhas (dos grupos comerciais carioca e preto), sendo avaliada a produtividade em kg. ha⁻¹. A análise de variância apontou a presença de interação genótipo x ambiente para a produtividade de grãos, indicando assim o comportamento diferenciado das linhagens e cultivares quando expostas em condições diferentes (safras). Na primeira safra (16/17) a linhagem avançada CNFC L50997 obteve o melhor desempenho entre as linhagens não diferindo significativamente das cultivares IAC Netuno, IPR Uirapuru e Campos Gerais que apresentaram produtividade superior a 2.800 Kg. há⁻¹. Na safra 2017/2018 a linhagem avançada que se destacou foi a SM0312 que apresentou desempenho estatisticamente não diferente das cultivares testemunhas (IAC Netuno, IPR Uirapuru, BRS Esteio e Perola). Das quatorze linhagens avaliadas dez não apresentaram diferença significativa entre as safras avaliadas e em ambos os anos a produtividade média foi próxima aos 2.000 Kg.ha⁻¹. Esses resultados indicam que o comportamento diferenciado de algumas linhagens e das cultivares contribuíram para a presença da interação significativa, principalmente as que se destacaram positivamente, sendo essas CNFC L50997 e SM 0312 as mais indicadas para os programas de melhoramento para a obtenção de cultivares.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* EVCU; produtividade.

Agradecimentos: UTFPR Campus Dois Vizinhos pelo aporte financeiro e ao IAPAR pela cedência do material genético.



USO DE REDES NEURAIS PARA A CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO – FAVA QUANTO À SUSCEPTIBILIDADE À ANTRACNOSE

Yasmin Borges Diniz¹; Gabriel Viana Ferraz¹; Kenne Warley dos Santos Rocha¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Geruza Rodrigues dos Santos Cavalcante ¹; Ananda Rosa Beserra Santos¹; Leonardo Castelo Branco Carvalho¹

¹Universidade Federal do Piauí. Yasmin12borges2@gmail.com

A antracnose é uma doença que resulta da infecção das plantas por espécies de fungos do gênero *Colletotrichum*. No Nordeste brasileiro, tal doença é considerada fator limitante para ganhos de produtividade da cultura do feijão-fava. Ademais, a necessidade de uma caracterização rápida de acessos é considerada o grande gargalo para a manutenção de bancos de germoplasma. O aprendizado de máquina tem potencial para detectar doenças de plantas através de informações espectrais e de imagem. Diante disso, este trabalho objetiva propor um método de avaliação de genótipos de feijão-fava quanto aos níveis de susceptibilidade à antracnose por algoritmos baseados em Inteligência artificial. A reação das variedades crioulas de feijão-fava à antracnose foi avaliada em telado, com inoculação de folhas na planta, e em campo sob infestação natural, no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, em Teresina, Piauí. Foram avaliados três acessos de feijão-fava incorporados ao Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI. Os acessos foram semeados em telado em fevereiro de 2020. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente ao acaso com 5 repetições. A inoculação do fungo *C. truncatum* e a pulverização do inóculo foi feita em 14 folhas por acesso aos 40 dias de semeadura. Foram escaneadas todas as amostras inoculadas de folhas de cada acesso com auxílio de scanner digital. As variedades crioulas de feijão-fava foram conduzidas em área experimental do Departamento de Fitotecnia/CCA/UFPI. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 4 repetições e foram obtidas imagens por meio de câmera digital de 44 folhas de cada acesso. Foram obtidas ao todo 238 imagens em campo demonstrando folhas com sintomas e sem sintomas de antracnose. O conjunto total de imagens foram divididas proporcionalmente em 20% para teste e em 80% de treinamento de forma randômica. Foi selecionado um modelo de rede neural convolucional com base em iterações sucessivas. O modelo apresentou acurácia de teste próximo à 80% e alta sensibilidade de classificação de genótipos resistentes. Após sucessivas etapas de treinamento e aumento do número de dados, este modelo pode ser implementado como uma ferramenta integrada a dispositivos móveis para avaliação em campo de variedades da cultura, podendo auxiliar na fenotipagem rápida e acelerar o processo de caracterização quanto à resistência à antracnose de acessos em bancos de germoplasma da espécie.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L.; Aprendizado de máquina; Banco de germoplasma

Agradecimentos: CNPq, UFPI.



PRODUTIVIDADE E REAÇÃO AS PRINCIPAIS DOENÇAS DE LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL CARIOCA

Letícia Elisiane Beluzzo^{1*}; Rita de Cássia Santos Cortez²; Adair Moraes³; Paulo Cezar Lopes³; José dos Santos Neto³; Nelson da Silva Fonseca Junior³; Vânia Moda Cirino³;

¹Universidade Estadual de Londrina (UEL). ²Centro Universitário Filadélfia (UniFil).

³Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná).

*leticiabeluzzo@gmail.com

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das espécies agrícolas mais importantes para o Brasil, com relevante contribuição da agricultura familiar. Uma das ferramentas para aumento da produtividade média brasileira é o desenvolvimento de cultivares com maior potencial produtivo, maior resistência as principais doenças e com capacidade de respostas positivas aos estímulos do ambiente. Objetivou-se avaliar a reação as principais doenças e o potencial de rendimento de linhagens promissoras de feijão do grupo carioca, desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético de feijão do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná-IAPAR-EMATER (IDR-Paraná). As avaliações foram realizadas em ensaios preliminares estabelecidos na safra das águas de 2019 em Londrina e Santa Tereza do Oeste. Foram avaliadas 170 linhagens promissoras, desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético de feijão do IDR-Paraná e dois controles: IPR Sabiá e IPR Campo Gerais. No estádio de desenvolvimento R8 foi avaliado a severidade das principais doenças da cultura: antracnose, oídio, ferrugem, mancha angular, crestamento bacteriano comum e murcha de *curtobacterium*, adotando a metodologia proposta pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). No estádio R9 as parcelas foram colhidas, trilhadas e o rendimento foi corrigido para 13% de umidade e convertido em produtividade. Os dados de produtividade de cada ambiente foram ajustados (LS means), submetidos a análise de variância conjunta e ao teste de agrupamento de médias de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). Das 170 linhagens promissoras avaliadas, 21,5% (58 linhagens) apresentaram produtividade média superior a melhor testemunha (IPR Sabiá: 2.538 kg ha⁻¹). 17 linhagens foram enquadradas no grupo com maior produtividade (média de 2.983 kg ha⁻¹), o que representa um incremento de 17,5% em relação a cultivar IPR Sabiá. A doença com maior severidade foi o crestamento bacteriano comum, de modo que apenas duas linhagens receberam nota 2. As avaliações de doença demonstraram a existência de linhagens resistentes e moderadamente resistentes as principais doenças da cultura. As linhagens com desempenho agrônômico superior e mais resistentes serão promovidas para os ensaios intermediários e poderão ser lançadas como novas cultivares.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; caracterização; melhoramento genético.

Agradecimentos: Ao IDR-Paraná pela infraestrutura e apoio no desenvolvimento da pesquisa e ao CNPq pela concessão da bolsa de iniciação científica.



FENOTIPAGEM DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL PRETO PARA CONDIÇÕES DE TOXIDEZ DE ALUMÍNIO

Letícia Elisiane Beluzzo^{1*}; Camila Maria do Carmo³; Jessica Delfini¹; Rita de Cássia Santos Cortez³; André Sarabia Zamarian³; José dos Santos Neto²; Vânia Moda Cirino²

¹Universidade Estadual de Londrina (UEL). ²Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná). ³Centro Universitário Filadélfia (UniFil).
*leticiabeluzzo@gmail.com

O Brasil é um grande produtor e consumidor de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), entretanto muitas regiões possuem solos ácidos com elevados teores de alumínio, afetando o desenvolvimento das raízes, diminuindo sua capacidade de absorção de água e nutrientes. O melhoramento genético pode ser uma das alternativas para superar este problema, no entanto, para que novas cultivares de feijão com possam ser desenvolvidas é necessário a identificação de genótipos que possuem características agrônômicas desejáveis e tolerância a toxidez por alumínio. Objetivou-se com o presente trabalho avaliar a reação de cultivares e linhagem promissora de feijão do grupo comercial preto à toxidez de alumínio. O Experimento foi realizado em casa de vegetação na Estação de Pesquisa do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná), em Londrina-PR. As plantas foram cultivadas em solução nutritiva, o delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com 8 repetições e os tratamentos dispostos em esquema fatorial 7x2, com sete genótipos e duas concentrações de alumínio, 0 ppm e 4 ppm. Os genótipos avaliados foram: BRS Esplendor, IPR Urutau e 5 linhagens: L01, L02, L03, L04, L05. A avaliação foi realizada no estádio V4, mensurando o comprimento máximo de raiz (CR), altura da planta (AP), volume de raiz (VR), comprimento de radícula (CRAD), massa seca da parte aérea (MSPA) e de raiz (MSR). Com os resultados obtidos foi realizada análise de variância, teste de agrupamento de médias Scott-Knott, índice de redução das variáveis e gráfico de dispersão. Houve influência no desenvolvimento dos genótipos avaliados sob a presença de alumínio, para todas as variáveis. Para a interação entre os fatores genótipo x Al houve interação significativa somente para as variáveis CR e AP. Para CR as linhagens L02 e L05 apresentaram desenvolvimento superior na ausência de alumínio e em condição de toxidez apresentaram redução e não diferiram dos demais genótipos. Para AP a linhagem L01 apresentou sensibilidade a presença de alumínio, com alto índice de redução. Os genótipos BRS Esplendor, IPR Urutau, L03 e L05, apresentaram menor sensibilidade a toxidez de alumínio e devem ser avaliados até a produção em condição de estresse por alumínio. Estes genótipos podem ser utilizados em cruzamentos e as linhagens registradas como novas cultivares.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; solos ácidos; melhoramento genético.

Agradecimentos: Ao IDR-Paraná e CNPq pela infraestrutura e apoio no desenvolvimento da pesquisa.



CARACTERIZAÇÃO E RELAÇÕES GENÔMICAS PARA A RESISTÊNCIA AO FITOPATÓGENO DO COMPLEXO *PHYTOPHTHORA* DE CACAUEIROS.

Luana Ferreira dos Santos^{1*}; Cláudio Antônio Ferreira de Melo¹; Edna Dora Martins Newman Luz²; e Ronan Xavier Corrêa¹

¹Universidade Estadual de Santa Cruz. ²Comissão Executiva do Plano Lavoura Cacaueira-CEPLAC. *luannaoliveirabiologia@gmail.com.

A podridão parda é uma das principais doenças que atacam o cacaueiro em todas as regiões produtoras de cacau no mundo, sendo um fator que influencia fortemente na redução da produção, afetando as regiões cuja cultura tem grande importância econômica. O recurso genético do cacaueiro baiano possui estreita diversidade genética, como reflexo da introdução da cultura na Bahia. Desta forma é importante caracterizar a variabilidade de cacaueiros da Bahia para subsidiar a seleção de plantas, o pós- e pré-melhoramento genético. As espécies de *Phytophthora* causadoras da podridão parda no Brasil são: *Phytophthora palmivora*, *Phytophthora capsici* e *Phytophthora citrophthora*, sendo a primeira a mais frequente e a última a mais devastadora. Contudo, existem variações genéticas em genótipos de cacaueiro que proporciona diferentes níveis de resistência para cada uma delas. Com isso, o objetivo deste trabalho foi analisar a associação entre o polimorfismo em *loci* microssatélites (SSR) relacionados com os locos de características quantitativas (QTLs) de resistência do cacaueiro aos fitopatógenos *P. palmivora* e *P. capsici* com a resistência ao fitopatógeno *P. citrophthora*. Dessa forma, foi realizada análise do polimorfismo em 23 *loci* SSR em QTLs de resistência a *P. palmivora* e *P. capsici* em 48 genótipos de cacaueiro de variedades locais do Sul da Bahia. Para a associação entre os dados moleculares e fenotípicos foi realizada a avaliação dos níveis de resistência de cada genótipo frente a inoculação artificial do patógeno de *P. citrophthora*. Não foi observada associação entre o polimorfismo relacionado com os *loci* SSR em QTLs para a resistência aos patógenos *P. palmivora* e *P. capsici*, quando observado em conjunto com o perfil fenotípico ou nível de infecção de cacaueiros pelo patógeno *P. citrophthora*. Essa análise de associação não revelou *threshold* significativo ($P > 0.05$). Apesar dos QTLs já propostos no cacaueiro para o controle da variação da resistência a *P. palmivora* e *P. capsici* apresentarem baixo efeito, o presente estudo indica que a não associação observada pode estar relacionada a diferentes mecanismos de resistência para cada espécie do gênero *Phytophthora*. Neste sentido, o gerenciamento da resistência não está relacionado com uma região genômica única envolvida na resistência a todas as espécies de *Phytophthora* no cacaueiro. Essa informação é útil para a prospecção de genes ou QTLs de resistência a *Phytophthora*, contribuindo com o melhoramento genético do cacaueiro do Sul da Bahia.

Palavras-chave: Podridão parda; Marcadores microssatélites; QTL.



CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE FRUTOS EM ACESSOS DE PUPUNHEIRA

Camila Pinto Brandão¹; Maria do Socorro Padilha de Oliveira²

¹Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA). ²Embrapa Amazônia Oriental.
*brandaopcaml@gmail.com.

A pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.) é uma fruteira nativa da Amazônia que apresenta ampla variabilidade genética, como também diversidade de uso de subprodutos especialmente para fruto. A caracterização e avaliação morfológica surgem como principais atividades na discriminação do material conservado em bancos de germoplasma, contribuindo também na identificação de plantas promissoras para fins desejáveis e ingresso em programas de melhoramento. Objetivo do trabalho foi caracterizar e avaliar frutos em acessos de pupunheira, com intuito de identificar acessos promissores ao mercado de mesa. Para tanto, foram colhidos três cachos por acesso de dez acessos conservados no banco de germoplasma de pupunha (BAG Pupunha) da Embrapa Amazônia Oriental, base física de Tomé Açu, PA. De cada cacho foram retirados ao acaso cinco frutos, totalizando 15 frutos de cada acesso, os quais foram avaliados para sete descritores quantitativos: dimensão e peso dos frutos e das sementes, o rendimento de polpa, o percentual de ocorrência de praga e doença, e para dois descritores qualitativos: cor da casca e da polpa obtidos por meio da carta Munsell. Os dados foram submetidos a análise estatística descritiva envolvendo média, valores máximo e mínimo e coeficiente de variação. Os acessos demonstraram variação para a maioria dos descritores do fruto com destaque para os pesos (fruto, polpa e semente). Apenas frutos de um acesso apresentou ocorrência de praga e doença com 60% nas amostras avaliadas. Quanto a escala de cores foi observada variação expressiva da casca (do amarelo ao vermelho-laranja) e da polpa (do creme ao laranja). Dentre os frutos dos acessos analisados constatou-se a ocorrência de diferentes raças de pupunha, as quais são estimadas com base no peso dos frutos, como a microcarpa cujo frutos pesam até 20g e a mesocarpa com peso de 20g a 70g. A caracterização e avaliação dos frutos nos acessos de pupunheira desse BAG mostra possibilidades de serem úteis no melhoramento dessa palmeira ao mercado de mesa.

Palavras-chave: *Bactris gasipaes*; caracteres; variação.

Agradecimentos: À FAPESPA, UFRA e Embrapa Amazônia Oriental pelo fomento à pesquisa.



SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CACAUEIRO BASEADA NO PERFIL DA RESISTÊNCIA *PHYTOPHTHORA CITROPHTHORA*

Luana Ferreira dos Santos^{1*}; Cláudio Antônio Ferreira de Melo¹; Edna Dora Martins Newman Luz²; e Ronan Xavier Corrêa¹

¹Universidade Estadual de Santa Cruz. ²Comissão Executiva do Plano Lavoura Cacaueira-CEPLAC. *luannaoliveirabiologia@gmail.com.

No Brasil, as regiões produtoras de cacau são frequentemente atingidas por agentes fitopatogênicos, como por exemplo, *Phytophthora citrophthora*, causador da podridão parda do cacaueiro, apresentando elevada virulência em comparação com as demais espécies do gênero *Phytophthora*. Embora as medidas de manejo de lavouras tentem reduzir os danos causados pela podridão parda na cacaucultura, a seleção de plantas com resistência genética tem sido a melhor estratégia no combate da doença. O presente estudo objetivou realizar a seleção de plantas resistentes ao fitopatógeno *P. citrophthora*, através da caracterização do nível de infecção de cada uma dos 51 genótipos das variedades "comum" e "maranhão" de cacau em uma região produtora no Sul da Bahia. Foram coletados frutos de 51 plantas matrizes distribuídas na fazenda Santa Cruz localizada no município de Arataca. As sementes foram tratadas e postas para a germinação e montagem do experimento em delinemaneto inteiramente causalizado com 13 repetições estatística por progênie, seguindo com a inoculação artificial de *P. citrophthora*. Para a avaliação do índice de infecção, foram utilizados oito descritores fitopatológicos: folhas remanescentes, com uma, duas, três ou quatro folhas restantes após a infecção; presença ou ausência de folha necrótica, folha murcha, folha seca, clorose generalizada, caule com necrose, caule seco e planta morta. O somatório dos valores qualitativos com igual peso estatístico foi utilizado para a obtenção do índice de resistência, o qual é inversamente proporcional a resistência a doença com base nos controles de resistência (7004) e suscetibilidade (TSH1188, SIC23 e Catongo). A diferença estatística foi observada através da ANOVA (0.05%) e posterior agrupamento de Scott-Knott. A avaliação dos descritores fitopatológicos propostos no presente estudo indicou pela ANOVA ($p < 0.001$) a existência de diferença significativa no nível de infecção entre as progênies de cultivares locais de cacaueiro. O agrupamento estatístico revelou a formação três classes estatísticas distintas: Classe "A", com nível de infecção estatisticamente igual aos valores obtidos nos controles para a suscetibilidade (TSH1188, SIC23 e Catongo), revelando plantas suscetíveis a doença. Já a classe "C", distribuindo os genótipos em conjunto com o controle para a resistência (7004), revelando que as plantas deste grupo são igualmente resistentes ao controle de resistência. A Classe "B", apresentou-se intermediária em relação as classes anteriores, indicando a existência de plantas com infecção médio de moderada resistência. Neste sentido, selecionou-se três genótipos resistentes a *P. citrophthora*, 2028 e 2037, ambos da variedade "comum" e 2066 da variedade "maranhão". Este estudo possibilitou a seleção de três plantas resistentes a podridão parda do cacaueiro, fornecendo subsídio ao melhoramento genético para a obtenção de linhagens segregantes e para a obtenção de plantas com níveis mais elevados de resistência.

Palavras-chave: Pré-melhoramento; Podridão parda; Inoculação; Índice de infecção.



AVALIAÇÃO SENSORIAL EM FRUTOS DE ACESSOS DE PUPUNHEIRA AO MERCADO DE MESA DE BELÉM - PA

Camila Pinto Brandão¹; Maria do Socorro Padilha de Oliveira²; Rafaella de Andrade Mattietto³

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ^{2,3}Embrapa Amazônia Oriental.
*brandaopcamila@gmail.com.

No Banco de Germoplasma de Pupunha (*Bactris gasipaes* Khunt.) da Embrapa Amazônia Oriental, base física de Tomé Açu, PA há acessos que vêm demonstrando potencialidades ao mercado de mesa. Contudo há escassez de estudos quanto à análise sensorial dos frutos desses acessos, o que se faz necessário, sendo importantes ferramentas para a obtenção de informações de características físicas e aceitação mercadológica. Deste modo, o objetivo do trabalho foi avaliar a aceitação sensorial em frutos de acessos de pupunheira ao mercado de mesa de Belém, PA. Para tanto, foram colhidos cachos maduros de dez acessos, identificados e imediatamente transportados ao Laboratório de agroindústria da Embrapa. De cada cacho foram retirados frutos ao acaso, lavados em água corrente e cozidos, separadamente, em panelas de pressão, por 30 minutos, sendo o preparo padrão para todas as amostras. Logo após o cozimento foram descascados, cortados ao meio e retiradas as sementes. O teste sensorial foi conduzido com 41 provadores não treinados de ambos os sexos, com idades variando de 19 a 67 anos, que avaliaram por nota, de escala hedônica de nove pontos, os atributos cor, aroma, sabor e textura. Avaliou-se também a aceitação global e a intenção de compra, por escala de cinco pontos. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Scott & Knott a 5% de significância. Os acessos diferiram entre si para a maioria dos atributos avaliados, sendo distintos pelo teste de comparação das médias para sabor, textura, impressão global e intenção de compra, com média acima de 6,93; 7,44; 7,0 e 4,10, respectivamente. O teste sensorial evidenciou maior aceitação (acima de 80%) e intenção de compra em frutos de três acessos (3, 7 e 10). Por outro lado, dois acessos (1 e 4) apresentaram baixa aceitação. De um modo geral os atributos cor, textura e sabor foram os que mais contribuíram na aceitação dos frutos desses acessos, os quais podem ser indicados como potenciais para o mercado mesa em Belém, Pará.

Palavras-chave: atributos; índice de aceitação; intenção de compra.

Agradecimentos: À FAPESPA, UFRA e Embrapa Amazônia Oriental pelo fomento à pesquisa.



AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DA PRODUÇÃO CIENTÍFICA SOBRE EXPRESSÃO GÊNICA ASSOCIADA AO DÉFICIT HÍDRICO EM VEGETAIS

João Rocha Pereira Paganini Neto^{1*}; Valéria Bernadete Leite Quixabeira²;
Ramilla dos Santos Braga³; Mariana Pires de Campos Telles⁴; Flávia Melo
Rodrigues⁵

¹PUC Goiás. ²PUC Goiás. ³UFG. ⁴PUC Goiás. ⁵PUC Goiás. *E-mail do autor
apresentador: jnpaganini@hotmail.com.

A água é essencial na planta e sua ausência no solo ocorre o déficit hídrico, provocando alterações fisiológicas. No entanto, para se proteger, as plantas sintetizam moléculas, tais como osmoprotetores, ácido abscísico (ABA) e desidrina. Estas moléculas prolongam por mais tempo a água na célula, evitando a desidratação rápida das plantas e cada um estão relacionados aos genes específicos, tornando-os importantes durante os períodos de seca. Desta forma, o estudo teve como objetivo analisar as publicações sobre expressão gênica relacionada com o efeito de déficit hídrico em plantas entre os anos de 2009 a 2019, utilizando a base de dados *Scopus*. Para isso, na plataforma *Scopus* foram utilizadas as palavras-chave “*water stress*” and “*gene expression*” and “*plant*” para a seleção das publicações a partir da leitura dos resumos e a organização dos dados para posteriores análises descritivas. Foram encontradas 646 publicações, com a média de publicações por ano igual a 58,72 artigos, sendo que o ano com maior número de publicações foi 2013, explicado pela alta de investimentos em P&D dos setores públicos e privados. A China e os Estados Unidos foram os países que mais publicaram e o Brasil ficou em quinto lugar com forte contribuição da EMBRAPA. Ao avaliar os idiomas, verifica-se que o inglês predomina devido ser o idioma universal da ciência e por agregar mais citações. Em relação as áreas do conhecimento com maior destaque foram a agricultura, genética e bioquímica devido está associado as necessidades da produção de alimento. Entre os dez primeiros autores que mais publicaram, são da China, Itália e Brasil. As dez instituições que mais contribuíram com publicações foram a Academia Chinesa de Ciências (CAS) e a EMBRAPA devido aos investimentos destinados do PIB do Brasil até o ano de 2019. Foi verificado que, *Arabidopsis thaliana* foi a espécie vegetal mais estudada no contexto de expressão gênica sob efeito de déficit hídrico, seguida de espécies como o arroz, trigo, soja e milho. Os dados obtidos possibilitam o conhecimento da produção científica relacionado aos aspectos de expressão gênica, servindo como base para direcionamento de outros estudos experimentais, principalmente com espécies não-modelo. Além disso, a lista dos principais dos genes tolerantes à seca auxilia na determinação de vias bioquímicas para responder perguntas específicas.

Palavras-chave: Osmoprotetores; Ácido Abscísico; Desidrina.

Agradecimentos: ao Programa de Pós-Graduação Mestrado em Genética da Pontifícia Universidade Católica de Goiás.



AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM BACURIZEIROS (*PLATONIA INSGNIS* MART.) POR MEIO DO MARCADOR ISSR

Jonas Alves Mesquita¹; Gabriel Garcês Santos²; Thailson de Jesus Santos Silva²; Luana Correa Silva³; Phelipe Silva de Araújo³; André de Sena Rodrigues³; José de Ribamar Silva Barros²

¹Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho/Unesp. ^{2 3} Universidade Estadual do Maranhão/UEMA. *j.mesquita@unesp.br.

O bacurizeiro (*Platonia insignis* Mart.), planta nativa da Amazônia brasileira, está distribuída no estado do Maranhão nas regiões da Amazônia Maranhense, Baixada Maranhense e nos Cerrados do extremo sul e Baixo Parnaíba e ocorre em áreas de intensa atividade agrícola, onde desmatamentos e queimadas são comuns levando a uma rápida redução no número de indivíduos e diminuição da variabilidade genética. Estudos de natureza genético-molecular são escassos para a espécie, dificultando o reconhecimento da perda genética real. Portanto este estudo teve por objetivo preliminar avaliar a eficácia de marcadores moleculares Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) em amostras de bacurizeiros, oriundas de Chapadinha, Urbano Santos, Morros, Arixá e Santa Rita no Estado do Maranhão, Brasil. As amostras foram encaminhadas ao Laboratório de Genética e Biologia Molecular Warwick Estevan Kerr (LabWick) para processamento das etapas de extração e amplificação do DNA. O DNA foi extraído segundo o protocolo CTAB e as reações em cadeia da polimerase (PCR) foram realizadas com os primers ISSR UBC 808, 809, 810, 811, 825 e 840. O total de locus amplificados e analisados foi 31, com taxa de polimorfismo média de 70,96%. Todos os primers utilizados amplificaram, o ISSR UBC 808 foi o que apresentou a menor quantidade de locus, $n = 3$, mas com 100% de polimorfismo. Os primers ISSR UBC 811 e 825 amplificaram a maior quantidade de locus, $n = 7$, mas que apresentaram 57,14% e 71,42% de polimorfismo, respectivamente. Os primers ISSR UBC 809 e 810 amplificaram 5 bandas (60% e 100% de polimorfismo respectivamente), seguidos do ISSR UBC 840 com 4 bandas e 50% de polimorfismo. Analisando as populações separadamente foi possível observar que a população de Morros possuía o maior número de locus polimórficos ($n=31$), enquanto a população de Urbano Santos foi a menos representativa ($n=23$). Uma Análise de Variância Molecular (AMOVA) foi realizada para avaliar a diversidade entre as localidades e evidenciou baixa diversidade entre populações (11,41%) e alta dentro de populações (88,58%) com F_{ST} de 0,114, indicando uma moderada diferenciação genética de acordo com a classificação para o F_{ST} . Os primers ISSR UBC 811 e 825 foram os que mais se mostraram promissores na caracterização da espécie e a maior quantidade de locus observado foi na população de Morros, Maranhão.

Palavras-chave: DNA; Variabilidade; Locus.



CARACTERIZAÇÃO REPRODUTIVA DE ACESSOS DE *Paspalum* UTILIZANDO A TÉCNICA DE ANÁLISE CITOEMBRIOLÓGICA

Tiago Maretti Gonçalves^{1*}; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Alessandra Pereira Fávero²; Frederico de Pina Matta²

¹Pós Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular - UFSCar, Rodovia Washington Luís, km 235, CEP 13560-970, São Carlos – SP. ²Pesquisadores, Embrapa Pecuária Sudeste - Rodovia Washington Luiz, Km 234 s/nº Fazenda Canchim CEP: 13560-970 - São Carlos - *E-mail do autor apresentador: tiagobio1@hotmail.com

Pertencente a tribo Paniceae, família Poaceae, o gênero *Paspalum* apresenta diversas espécies de grande potencial forrageiro ou de uso como cobertura vegetal. É considerado como um dos mais importantes gêneros entre as gramíneas no Continente Americano. O Banco Ativo de Germoplasma de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste se destaca em pesquisas de conservação, caracterização e cruzamentos do gênero, possuindo atualmente cerca de 450 acessos de 50 espécies, a maioria pertencente ao grupo informal Plicatula. Sendo um grupo botânico muito vasto, o grupo Informal Plicatula apresenta grande variação morfológica em suas espécies o que pode dificultar sua classificação. A maioria dos acessos de *Paspalum* é tetraploide ($2n=40$) e de comportamento apomítico. A observação apenas de materiais apomíticos em uma coleção limita o programa de melhoramento genético, pois não há a possibilidade de hibridações intra e interespecíficas. Espécies diploides e sexuais são utilizadas em atividades de poliploidização seguida de cruzamentos intra e interespecíficos. Desta maneira, a caracterização reprodutiva dentro do gênero *Paspalum* é de grande importância, uma vez que facilita a escolha de parentais para um futuro programa de melhoramento genético. O objetivo do presente trabalho foi caracterizar reprodutivamente 5 acessos de *Paspalum* do grupo informal Plicatula, utilizando a técnica de Análise Citoembriológica. Espiguetas foram coletadas a campo e os ovários foram retirados e clareados por meio de protocolo específico no laboratório de sementes da Embrapa Sudeste para determinação do modo reprodutivo. Um total de até 200 ovários foram analisados em cada acesso. A análise do modo de reprodução se deu por meio da técnica de microscopia de contraste interferencial diferencial (DIC). Como resultado do presente estudo, três acessos (BGP 272 de *P. rojasii*, BGP 281 de *P. lenticulare* e BGP 380 de *P. compressifolium*) foram sexuais, um acesso (BGP 178 de *P. compressifolium*) foi apomítico facultativo e o acesso BGP 232 de *P. plicatulum* foi apomítico. Os acessos caracterizados como sexuais neste estudo são de grande importância, uma vez que poderão ser utilizados em programas de melhoramento genético de *Paspalum* em cruzamentos com acessos elite apomíticos.

Palavras-chave: clareamento de ovários; gramíneas; germoplasma.

Agradecimentos: Ao CNPq pela bolsa de doutorado.



DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS QUANTITATIVOS NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GERMOPLASMA DE MANDIOCA-DE-MESA DA REGIÃO SUL DE MINAS GERAIS

Tiago Maretti Gonçalves¹; Maria Celeste Gonçalves Vidigal²; Pedro Soares Vidigal Filho²

¹Pós Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular - UFSCar, Rodovia Washington Luís, km 235, CEP 13560-970, São Carlos, SP. ²Pós graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, nº 5790, CEP 87020-570, Maringá, PR *E-mail do autor apresentador: tiagobio1@hotmail.com

Pertencente a famílias das *Euphorbiaceae*, a mandioca de mesa (*Manihot esculenta* Crantz) é uma planta tuberosa de grande importância em todo o mundo, servindo como sustáculo energético para mais de 500 milhões de pessoas. Segundo dados da Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO) o maior produtor de mandioca no ano de 2018 foi a Nigéria com 56 milhões de toneladas, enquanto que o Brasil ocupou a quarta posição produzindo um total de 20 milhões de toneladas dessa cultura. O crescente avanço da urbanização de municípios brasileiros, tradicionalmente agrícolas, vem contribuindo para a eliminação gradativa de germoplasma de mandioca de mesa, comumente encontrado nos 'fundos de quintais'. Neste contexto, se fazem necessários estudos de caracterização de germoplasma a fim de se conhecer a divergência genética disponível possibilitando a utilização do mesmo em futuros programas de melhoramento. O objetivo do presente estudo foi realizar a caracterização e a análise da divergência genética de germoplasma de mandioca de mesa coletados na região Sul de Minas Gerais, com intuito de dar suporte aos programas de melhoramento de mandioca-de-mesa oriundos dessa região brasileira. Nesta etapa foram utilizados um total de 50 cultivares tradicionais de mandioca de mesa utilizando-se um total de sete marcadores morfo-agronômicos quantitativos analisados pelo método da distância euclidiana média com os quais foram gerados matrizes de similaridade e dissimilaridade genética. Na análise de agrupamento foi utilizado o Método do Vizinho Mais Próximo (UPGMA). Como principal resultado deste estudo, os acessos BGM 655, BGM 640, BGM 660 e BGM 690 foram os mais divergentes. As combinações mais promissoras indicadas em um futuro programa de melhoramento genético estão entre os parentais BGM 675 x BGM 690 e BGM 690 x BGM 660. Assim, pelo método de agrupamento do Vizinho Mais Próximo, houve a formação de 7 grupos distintos. Os resultados aqui encontrados são de grande importância pois podem fornecer valiosas informações a respeito do germoplasma disponível podendo estas serem aplicadas em futuros programas de melhoramento genético da cultura da mandioca.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz, dissimilaridade genética, seleção de parentais

Agradecimentos: ao CNPq pela Bolsa de Estudo e pelo apoio financeiro essencial à pesquisa.



VARIABILIDADE QUÍMICA DOS ÓLEOS ESSENCIAIS DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE *LIPPIA ORIGANOIDES* KUNTH. COLETADOS NO ESTADO DA BAHIA

Emily Verônica Rosa da Silva Feijó^{1*}; Lenaldo Muniz de Oliveira²; Angélica Maria Lucchese³

²³Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS). *emillyfeijo@hotmail.com.

Lippia organoides Kunth. é uma espécie medicinal e aromática rica em óleos essenciais, com diversas possibilidades de uso, sendo considerada, desta forma, um recurso genético vegetal. A diversidade química na espécie é ocasionada por fatores ambientais e genéticos, sendo importante se identificar qual o percentual dessa variação que decorre de variações genéticas e ambientais. O objetivo desse estudo foi determinar a composição química dos óleos essenciais de doze genótipos de *L. organoides*, que formam a coleção de germoplasma da espécie da Universidade Estadual de Feira de Santana, coletados em municípios do Estado da Bahia e cultivados sob as mesmas condições edafoclimáticas. As plantas matrizes foram propagadas vegetativamente através de estacas apicais, posteriormente, seguiu-se o plantio definitivo no solo, nas condições de Feira de Santana, Bahia. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições e quatro plantas por repetição. Seis meses após o plantio, seguiu-se a coleta e secagem das folhas para extrações dos óleos essenciais por meio da hidrodestilação. Nas extrações foram utilizadas amostras de 100 g, compondo três repetições por genótipo. A identificação dos compostos foi realizada por meio da técnica de cromatografia gasosa acoplada ao espectrômetro de massas (CG/EM) e os dados dos 20 compostos principais foram utilizados nas análises estatísticas. Foram efetuadas a análise de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages) e a análise das variáveis canônicas, utilizando como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis (D2). Os resultados permitiram classificar os genótipos em quatro grupos distintos: grupo 1, com timol como componente majoritário e carvacrol, grupo 2, com cânfora como majoritário, grupo 3, com E-cariofileno como majoritário e grupo 4, com cinamato de metila como majoritário. A mesma formação foi vista pela análise das Variáveis Canônicas, que explicou 99,33% da variação. Os compostos mais importantes para discriminar os doze genótipos foram o E-cinamato de metila (52,70%), Z-cinamato de metila (33,25%), limoneno (4,6 %), canfeno (2,4 %), cânfora (2,46%) e α -pineno (2,06%). Os resultados mostraram a diversidade genética presente na coleção de germoplasma de *L. organoides*, visto que a variabilidade detectada é oriunda da variabilidade genética da espécie. Além disso, o conhecimento da composição química dos óleos essenciais dos diferentes genótipos é uma informação ímpar para o uso acertado dos mesmos.

Palavras-chave: coleção de germoplasma, divergência genética, quimiotipos.



CARACTERIZAÇÃO QUALITATIVA DE POPULAÇÕES LOCAIS DE FEIJOEIRO COMUM

Yasmin Pincegher Siega^{1*}; Guilherme Weirich Krause¹; Grace Karina Kleber Romani¹; Monalisa Cristina de Cól¹; Talita Durante Bosetti¹; Volmir Kist¹

¹Instituto Federal Catarinense – Campus Concórdia. *yasminsiega@hotmail.com

A cultura do feijão comum ocupa lugar de destaque na alimentação da população brasileira, principalmente por ser importante fonte de proteína. Embora exista grande variabilidade genética nesta espécie, os maiores volumes de feijão disponibilizados a população humana se resumem as variedades do tipo carioca e preto. Esta variabilidade é obtida principalmente pela agricultura de subsistência, que realiza o cultivo de populações com adaptações específicas, o que lhes proporciona maior estabilidade produtiva. A conservação e caracterização desses recursos é de extrema importância pelo seu potencial uso em programas de melhoramento genético no desenvolvimento de novas cultivares. Assim, objetivou-se estudar a diversidade genética qualitativa de populações locais de feijão comum conservadas e cultivadas por pequenos agricultores. Na safreinha 2019/20, foi implantado na cidade de Concórdia – SC um ensaio com 36 tratamentos, sendo 34 variedades locais de feijão comum e 2 variedades comerciais (SCS204 - Predileto e SCS205 - Fortuna) utilizadas como testemunhas. Os tratamentos foram distribuídos em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por 4 fileiras de 5m, com espaçamento de 40cm entre fileiras, utilizando as duas centrais como parcela útil. Foram avaliados 16 caracteres qualitativos, sendo eles de planta, vagem e semente. Os de planta foram: antocianina nos cotilédones, antocianina no hipocótilo, hábito de crescimento, antocianina no caule, cor folíolo central 4º nó da planta, cor da asa, cor do estandarte; de vagem: cor primária da vagem, cor secundária da vagem; e de semente: cor primária da semente, cor secundária da semente, forma da semente, grau de achatamento da semente, brilho da semente, halo na semente, grupo comercial. Todos os genótipos pertencentes ao grupo comercial preto apresentaram antocianina nos cotilédones, hipocótilos e flores de coloração roxa. Enquanto, todos os genótipos classificados nos grupos comerciais amarelo, roxo e manteigão apresentaram ausência de antocianina no cotilédone, hipocótilo e no caule. Nos genótipos do grupo carioca, observou-se a ausência de antocianina somente no caule. Os feijões classificados no grupo comercial outros não tiveram um padrão como os demais. Para o caractere hábito de crescimento constatou-se predominância do tipo II. Houve predominância em relação a forma elíptica e grau de achatamento tipo achatada nas sementes. Quanto ao grupo comercial, houve superioridade de feijões do tipo preto. Conclui-se que os feijões comuns cultivados pela agricultura familiar apresentam grande variabilidade para caracteres de cunho qualitativo (morfológicos e fisiológicos), o que pode ser determinante para a formação de novas combinações gênicas de interesse dos agricultores em seus cultivos de subsistência.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; agricultura familiar; recursos genéticos.

Agradecimentos: Ao IFC - Campus Concórdia, pelo suporte financeiro



VARIABILIDADE PARA CARACTERES DE SEMENTES EM CULTIVARES CRIOULAS DE FEIJÃO-CAUPI

Ramony Kelly Bezerra Oliveira¹; Emanuel Magalhães da Costa¹; Érika Beatriz de Lima Castro¹; Ana Virgília de Almeida Silva¹; Angela Maria dos Santos Pessoa²; Ana Kelly Firmino da Silva³; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini⁴

¹Graduanda (o) em Agronomia, UFC. ²Bolsista DCR/FUNCAP/CNPq, UFC. ³Engenheiro (a) agrônomo (a) da UFC. ⁴Professora do Centro de Ciências Agrárias da UFC. *ramonyoliveira06@gmail.com

As comunidades tradicionais conservam espécies de feijão-caupi (*Vigna Unguiculata* (L.) Walp.), que são conhecidas como sementes crioulas. Essas possuem um papel econômico e social muito importante, considerada a principal fonte de alimento e renda para a maioria dos agricultores familiares das regiões Norte e Nordeste do Brasil. Também são importantes para a conservação da agrobiodiversidade, baseada na estratégia on farm, garante que haja uma contínua adaptação das espécies e a manutenção de comunidades rurais que as manejam. Além disso, garante que parte importante dos recursos genéticos sejam conservadas e que estejam disponíveis livremente. Assim, as populações crioulas são materiais importantes para os programas de melhoramento genético, pelo elevado potencial de adaptação que apresentam em condições ambientais específicas e, por constituírem fonte de variabilidade. Dessa forma, objetivou-se identificar variabilidade para caracteres biométricos em sementes crioulas de feijão-caupi. Foram avaliadas oito variedades crioulas de feijão-caupi coletadas em feiras livres e doadas por agricultores familiares dos estados de Sergipe (Propriá 02 e Propriá 03), Alagoas (Canoa de Cima 04 e Canoa de Cima 05) e Paraíba (Areia 01, Remígio 06, Remígio 07 e Belém 08). As análises foram realizadas no Laboratório de Melhoramento Vegetal da Universidade Federal do Ceará. Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado com oito tratamentos e quatro repetições de 100 sementes cada. As características analisadas foram: comprimento, largura, espessura e peso das sementes. As medidas foram avaliadas com auxílio de um paquímetro e balança digital. Estatisticamente foi realizada uma análise de variância e teste de Scott e Knott em nível de 5% de probabilidade para a comparação das médias. Verificou-se maior variação entre as cultivares para a largura das sementes. As cultivares crioulas Propriá - SE 02 e Remígio-PB 06 apresentaram os maiores valores médios para o comprimento das sementes, com valores de 0.91 (cm) e 0.93 (cm), respectivamente. Mesmo sendo provenientes de estados distintos, apresentam semelhança estatística para essa característica. A variedade Remígio-PB 07 foi estatisticamente superior para a característica largura das sementes (0.76 cm). A cultivar Belém-PB 08 apresentou maior valor médio para a espessura (0.55 cm) e peso de 100 sementes (25.15g). Houve diferença estatística entre as cultivares crioulas de feijão-caupi para as características biométricas de sementes. As cultivares crioulas provenientes do estado da Paraíba apresentaram sementes maiores e mais pesadas, sendo indicada para estudos posteriores.

Palavras-chave: Biometria; comunidades tradicionais; conservação; *Vigna unguiculata*

Agradecimentos: CNPq, UFC, FUNCAP, BAG-CAUPI, NUMERG.



DISTRIBUIÇÃO EM CLASSES PARA PERÍMETRO EM UMA POPULAÇÃO ORIUNDA DE UM SERINGAL APÓS DÉCADAS DE PLANTIO

Célia Pereira^{1*}; Cleberson Lisboa¹; Daniela Silva¹; João Ítalo Alves¹; Miguel L. M. Freitas^{2*}; José Cambuim^{3*}; Mario L. T. Moraes^{3*}; Murilo da Serra Silva¹

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Pará - Campus Marabá Rural.

²Instituto Florestal de São Paulo – IF, Secretaria de Meio Ambiente do Estado de São Paulo. ³Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” -UNESP. Ilha Solteira.

*celiapereiraarrais@gmail.com

A seringueira é uma planta nativa da Amazônia e foi domesticada devido produzir o látex que é matéria para a fabricação de diversos produtos de grande importância no cotidiano, como pneus, por exemplo. Para contribuir em pesquisas sobre a referida espécie, o Instituto Federal do Pará- Campus Marabá Rural tem em sua área uma população que, segundo relatos locais, foi plantada há mais de três décadas e permaneceu seu curso natural de regeneração, sem intervenção, exceto eventos de entrada de fogo na área, no qual rapidamente foi controlado. Para contribuir com o manejo da seringueira, que se mantém predominante na área onde foi plantada e um possível desbaste para enriquecimento da floresta, o trabalho teve como finalidade conhecer a frequência de indivíduos em distintas classes de perímetros a altura do peito (PAP). Foi realizado um inventário no ano de 2019 em uma unidade amostral de 1,5 ha, equivalente a 35% do total da área em que ocorre a seringueira (05°34'14,8" S; 49°06'02,3" W). Somente indivíduos com PAP ≥ 45 cm, indicado para iniciar a coleta de látex, ingressaram no inventário. O número de classes de perímetros foi definido a partir da razão entre amplitude e intervalo de classe ($f = 0,5$ e $\sigma = 32,52$). No total foram contabilizados 246 indivíduos, distribuídos em 12 classes de perímetros com PAP mínimo de 45,4 cm e máximo de 247 cm. A curva do histograma apresentou um “J-invertido”, com a frequência relativa de 52,4% nas duas primeiras classes. Os resultados sugerem que a população recrutou indivíduos da regeneração natural e possui um bom indicativo de sua manutenção, pois há um estoque de indivíduos jovens que poderão constituir as classes de perímetros maiores. Também demonstra que apesar de ser uma população oriunda de plantio, não apresenta mais características de uma população de floresta equiânea, no qual os indivíduos se distribuem de maneira a formar uma curva normal. As informações de frequência em diferentes classes de perímetros irão contribuir para melhor planejar o enriquecimento da área, concomitante com a manutenção da população de seringueira.

Palavras-chave: *Hevea brasiliensis*, população, regeneração natural.

Agradecimentos: ao IFPA-Campus Marabá Rural pela concessão de bolsas aos estudantes envolvidos na realização desta pesquisa, por meio do edital nº 08/2019 PIBICTI IFPA- Campus Marabá Rural.



BIOLOGIA REPRODUTIVA DE *SOLANUM MALMEANUM* APLICADA A CONSERVAÇÃO E USO DO GERMOPLASMA NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA

Rodrigo Nicolao^{1*}; Caroline Marques Castro²; Gustavo Heiden²

¹ Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas.

²Embrapa Clima Temperado. * rodrnicolao@gmail.com.

O conhecimento da biologia reprodutiva de *Solanum malmeanum* B. (Solanaceae) é importante para compreender a variabilidade genética e morfológica, a dinâmica das populações naturais in situ, e para a conservação ex situ e uso do germoplasma em programas de melhoramento genético. Esta espécie é um parente silvestre da batata cultivada nativo do Brasil, Argentina, Paraguai e Uruguai. Possui resistência a alguns estresses bióticos e abióticos, além de características agronômicas qualitativas diferenciais nos tubérculos como o alto conteúdo de matéria seca e baixa concentração de açúcares redutores. Está classificada no pool gênico terciário (1EBN) e é considerada reprodutivamente isolada de outras espécies de batatas pelos diferentes grupos de cruzamento 2EBN e 4EBN. Este estudo visa caracterizar a biologia reprodutiva dos acessos BGB081 (triploide) e BGB471 (diploide) de *S. malmeanum*, do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Batata da Embrapa Clima Temperado. O experimento foi conduzido em casa de vegetação (31°40'53.16"S, 52°26'23.60"W) entre agosto e dezembro de 2019. Cinco tratamentos foram aplicados em no mínimo 30 flores: T1-Controle (flores não emasculadas e nem polinizadas manualmente); T2-Apomixia (flores emasculadas e não polinizadas); T3-Autogamia (emasculação e autopolinização); T4-Compatibilidade com *S. tuberosum* L. (4x) (emasculação e polinização com pólen da linhagem C1750-15-95); T5- Alogamia (emasculação e polinização manual com mistura de pólen dos acessos de *S. malmeanum* do BAG). A emasculação foi feita em pré-antese, as polinizações ocorreram na manhã seguinte e todas as flores foram ensacadas para evitar contaminação. O T3 não foi realizado no BGB081, uma vez que este não produziu pólen. Nos tratamentos 1, 2, 3 e 4 não houve formação de frutos e sementes em nenhum acesso. No tratamento 5, o BGB081 não formou frutos e, das 30 flores polinizadas do BGB471, 15 frutificaram produzindo 210 sementes no total e em média 14 sementes/fruto. Portanto, o BGB081 (3x) não produz pólen, não é apomítico, não foi avaliado quanto a auto-incompatibilidade por não produzir pólen, não é compatível com *S. tuberosum* e não frutifica ao receber pólen dos demais genótipos, tendo reprodução apenas vegetativa. O BGB471 (2x) produz pólen, não é apomítico, é auto-incompatível, não é compatível com *S. tuberosum*, e é alógamo, pois frutifica e produz sementes ao receber pólen de outros genótipos, tendo reprodução sexuada e vegetativa.

Palavras-chave: batata-silvestre, parentes silvestres, pré-melhoramento.

Agradecimentos: CNPq (429368/2016-0) e FAPERGS (19/2551-0001703-0) pelo auxílio à pesquisa e CNPq pela bolsa de mestrado (830425/1999-3).



DETERMINAÇÃO DE PARÂMETROS FÍSICO-QUÍMICOS DE ÓLEOS ESSENCIAIS DE ESPÉCIES DO GÊNERO PIPER

Vânia Brito Barbosa^{1*}; Luiz Ricardo Santos de Souza²

¹Instituto Federal do Pará. ²Universidade Federal do Pará.

*E-mail do autor apresentador: vaniabarbosa20quimica@gmail.com

No Brasil ocorrem quatro gêneros da família Piperaceae, totalizando 464 espécies, que se encontram distribuídas em todas as regiões do país. A maioria dessas espécies possui importância econômica, industrial, bem como medicinal, apresentando atividades analgésica, diurética e antisséptica e também inseticida. Este trabalho teve como objetivo caracterizar físico-quimicamente o óleo essencial de sete espécies do gênero *Piper*, nativas em área da Embrapa Amazônia Oriental, em Belém, Pará. As plantas foram coletadas entre janeiro e março de 2020 e a biomassa *in natura* (folha, caule e fruto) foi submetida à extração por hidrodestilação, por arraste de vapor. Os rendimentos percentuais (%) dos óleos essenciais foram expressos em volume (mL) de óleo essencial por massa (g) de material botânico, em base seca. Foram determinados os parâmetros físico-químicos índice de refração (IR) e densidade absoluta (d) (g/mL) à 25°C, além de características sensoriais como cor, aparência e odor. Os resultados obtidos foram: *P. aduncum* L. (3,16 % de óleo; IR = 1,5218; d = 1,170 g/mL; incolor; límpido; odor característico); *P. arboreum* Aubl. (1,13 % de óleo; IR = 1,4998; d = 0,930 g/mL; amarelo pálido; límpido; odor característico); *P. carniconnectivum* C. DC. (1,13 % de óleo; IR = 1,5007; d = 0,870 g/mL; amarelo intenso; límpido; odor característico); *P. cyrtopodon* (Miq.) C. DC. (1,45 % de óleo; IR = 1,5003; d = 0,895 g/mL; amarelo pálido; límpido; odor característico); *P. hispidum* Sw. (0,72 % de óleo; IR = 1,5046; d = 0,825 g/mL; amarelo; límpido; odor característico); *P. reticulatum* L. (0,64 % de óleo; IR = 1,5171; d = 0,975 g/mL; amarelo intenso; límpido; odor característico); *P. tuberculatum* Jacq. (0,41 % de óleo; IR = 1,4915; d = 0,822 g/mL; amarelo; límpido; odor característico). Pelos dados, verificou-se que o rendimento dos óleos variou de 0,4 a 3,1%, onde *P. aduncum* foi a espécie que apresentou maior teor em óleo essencial. A densidade dos óleos oscilou entre 0,8 e 1,1 g/mL, mostrando que *P. aduncum* possui óleo mais denso que a água. Em relação ao índice de refração, observou-se variação de 1,4915 a 1,5218, sendo que o maior valor também foi identificado para *P. aduncum*. A coloração dos óleos variou de incolor a amarelo intenso e suas aparências apresentaram-se límpidas, possuindo odores bem característicos. Os resultados obtidos contribuem para o estabelecimento de padrões de identidade desses óleos, em especial às espécies que possuem poucos ou nenhum estudo reportado na literatura, como *P. carniconnectivum*, *P. cyrtopodon* e *P. reticulatum*.

Palavras-chave: Piperaceae; Propriedades físico-químicas; Hidrodestilação.

Agradecimentos: À equipe do Laboratório de Botânica da Embrapa Amazônia Oriental pela colaboração na coleta e identificação das espécies e à Dra. Nádia Elígia Nunes Pinto Paracampo pela colaboração.



CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE POPULAÇÕES LOCAIS DE FEIJOEIRO COMUM CONSERVADAS E MANEJADAS PELA AGRICULTURA FAMILIAR

Yasmin Pincegher Siega^{1*}; Guilherme Weirich Krause¹; Grace Karina Kleber Romani¹; Monalisa Cristina de Cól¹; Talita Durante Bosetti¹; Volmir Kist¹

¹Instituto Federal Catarinense – Campus Concórdia. *yasminsiega@hotmail.com

O feijão comum, cultivado em todo território nacional, apresenta grande variabilidade genética, sendo a sua produção obtida principalmente através dos cultivos de subsistência, realizado por pequenos produtores que tentam buscar estratégias de sobrevivência na agricultura. Nas propriedades desses agricultores, geralmente são cultivadas populações com adaptações específicas às suas condições, que lhes proporciona maior estabilidade produtiva. A forma de cultivo e conservação adotados por eles reduzem os riscos de perda da diversidade genética, porém, estudos envolvendo a caracterização dessas populações são restritos, principalmente em função dos baixos volumes produzidos. Portanto, o objetivo deste trabalho foi analisar a variabilidade genética e o desempenho produtivo de populações locais de feijão comum cultivadas por agricultores familiares regionais. Na safra 2019/20, foi implantado no município de Concórdia – SC um ensaio com 36 tratamentos, sendo 34 variedades locais de feijão comum e 2 variedades comerciais (SCS204 - Predileto e SCS205 - Fortuna) utilizadas como testemunhas. Os tratamentos foram distribuídos em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por 4 fileiras de 5m, com espaçamento de 40cm entre fileiras. As características analisadas a partir da parcela útil foram: dimensão da folha primária (DFP), duração do período VE-R6 (DR6), índice comprimento/largura folha do 4º nó (IFN), duração do período R6-R9 (DR9), altura da primeira vagem (APV), comprimento da primeira vagem (CPV), número nós com vagem (NNV), número de vagens por planta (NVP) e número de grãos por vagem (NGV), peso de mil sementes (PMS) e produtividade de grãos (PRO). Os dados de todas as variáveis foram submetidos a análise de variância, teste de separação de médias (Scott-Knott a 5%) e de correlação linear simples. Foram verificadas diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os tratamentos de todas as variáveis analisadas. As médias dos componentes de rendimento NVP, NGP, PMS e PRO foram 12,76; 3,72; 249,82 g e 1.578,26 kg ha⁻¹, respectivamente. Correlações significativas ($p < 0,05$) e positivas foram verificadas entre PRO com as variáveis IFN (0,33), NNV (0,20) e NVP (0,19). Isso significa que a variável PRO pode ser melhorada indiretamente por meio da seleção dos genótipos superiores para estas variáveis. Por outro lado, apenas a variável DR6 apresentou um coeficiente de correlação significativo e negativo com a PRO (-0,26). Analisando os resultados, conclui-se que há grande variabilidade genética entre as populações de feijão comum avaliadas e algumas populações conservadas e cultivadas por agricultores familiares foram tão produtivas quanto as testemunhas, o que evidencia a importância dos agricultores familiares no processo evolutivo dessa espécie vegetal.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Conservação *on farm*; Potencial produtivo.

Agradecimentos: Ao IFC - Campus Concórdia, pelo suporte financeiro.



AVALIAÇÃO DO PERFIL QUÍMICO DE FRUTOS DE *Myrciaria floribunda* POR ESPECTROMETRIA DE MASSAS COM IONIZAÇÃO POR PAPER SPRAY

Yesenia Mendoza García^{1*}; Eurico Eduardo Pinto de Lemos²; Ana Luiza Coeli Cruz Ramos³; Júlio Onésio Ferreira Melo⁴

¹Universidade Federal de Alagoas, Maceió-AL. ²Universidade Federal de Alagoas, Maceió-AL. ³Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte-MG. ⁴Universidade Federal de Sete Lagoas, Sete Lagoas-MG *jenny_thesiba@hotmail.com.

Recentemente, há um crescente interesse pelo estudo de frutos nativos brasileiros devido ao potencial bioativo e nutricional que apresentam à saúde humana. As espécies da família Myrtaceae, apresentam elevado potencial de uso pela presença de compostos, principalmente de natureza fenólica tanto em folhas como em frutos. Neste contexto, a *Myrciaria floribunda*, conhecida popularmente como cambuí, pertencente ao gênero *Myrciaria*, é uma árvore com frutos com potencial para aproveitamento comercial pois podem ser consumidos in natura como industrializados. Assim, o presente estudo teve como objetivo determinar os constituintes químicos presentes nos frutos de diferentes acessos de cambuí através da técnica de espectrometria de massa com ionização por *Paper-spray* (PS-MS) para a obtenção do perfil químico. Os frutos foram colhidos de três acessos de cambuizeiros (AC132, AC136 e AC160) no estágio de maturação fisiológica do Banco Ativo de Germoplasma de Cambuí, pertencente ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL). Os extratos para a análise foram preparados através de extração por metanol e acetona. Para a obtenção do perfil químico foi utilizado um espectrômetro de massas *ion trap* LCQ Fleet (Thermo Scientific, San Jose, CA, USA), com ionização por PS-MS no modo positivo. Para a tentativa de identificação dos compostos realizou-se uma comparação das razões *m/z* dos dados obtidos com os sinais instrumentais obtidos pela literatura. A metodologia do PS-MS permitiu identificar ao todo treze compostos presentes na polpa do cambuí, sendo eles a catequina, cianidina-3-O-beta-glucopiranosídeo, diosmetina, galoil-glicose éster, galoilpirogallol, miricetina-3-glucosídeo, neohesperidosídeo I de apigenina, pentosídeo de miricetina, petunidina, petunidina-diglucosídeo, Quercetina 3-O-[6''-(3-hidroxi-3-metilglutaroil)-galactósido], rutina e sacarose. Diante do exposto, a técnica mostrou-se eficiente na identificação rápida dos constituintes químicos dos diferentes acessos de cambuí, contribuindo assim ao estudo dos possíveis efeitos benéficos à saúde humana, uma vez que houve relatos sobre efeitos anti-inflamatórios assim como antimicrobianos.

Palavras-chave: Cambuí; PS-MS; compostos fenólicos.

Agradecimentos: À FAPEAL, UFAL e CAPES pelo apoio financeiro.



AVALIAÇÃO DO COMPRIMENTO DE VAGENS E NÚMERO DE GRÃOS POR VAGENS EM ACESSOS DE FEIJÃO CAUPÍ DA REGIÃO DE PEDRO AFONSO-TO

Aline da Silva Santos¹; Maria Betânia Mendes Alves²; Mirian Peixoto Soares da Silva³; Carmen Maria Coimbra Manhães⁴; Roney Soares Filho⁵; Lucas Alves Machado^{6*}

¹Instituto Federal do Tocantins - *Campus* Avançado Pedro Afonso, Professora, Alinealine.santos@ifto.edu.br; ²Instituto Federal do Tocantins - *Campus* Avançado Pedro Afonso, Aluna, mariabetaniamendesalves@gmail.com; ³Instituto Federal do Tocantins - *Campus* Avançado Pedro Afonso, Professora, mirian.silva@ifto.edu.br; ⁴Instituto Federal do Tocantins - *Campus* Avançado Pedro Afonso; Professora, carmen.manhaes@ifto.edu.br;

⁵ Instituto Federal do Tocantins - *Campus* Avançado Pedro Afonso, aluno roneysoares051@gmail.com; ⁶ Instituto Federal do Tocantins - *Campus* Avançado Pedro Afonso, aluno, lucasalvesmachado836@gmail.com.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), tem grande variabilidade genética dentro da própria espécie. No Brasil esta espécie foi introduzida século XVII e deste esta época são cultivados por agricultores familiares que fazem seleção através da utilização de sementes dos cultivos anteriores. Devido a isso, este trabalho teve por objetivo avaliar o comprimento de vagem e o número de grãos por vagens em diferentes acessos de feijão-caupi coletados na região de Pedro Afonso-TO. Foram avaliados cinco acessos de feijão-caupi no campo experimental de olericultura do IFTO *Campus* Avançado de Pedro Afonso. O experimento foi montado em blocos casualizados sendo cinco acessos e três blocos 5x3 com dez plantas por acesso por bloco. A adubação do solo foi realizada utilizando 10g de supersimples e 3g de cloreto de potássio por cova, seguida de irrigação localizada por gotejamento. No semeio dos acessos foram utilizadas três sementes por cova em espaçamento 60 x 60 cm seguindo com irrigação. Após 72 dias do semio as vagens das plantas foram colhidas e acondicionadas em sacos plásticos identificados, com número do acesso, da planta e do bloco. Em seguida as vagens foram encaminhadas ao Laboratório Multidisciplinar do *Campus* para aplicação dos descritores: comprimento de vagens e número de grãos por vagem. Para aplicação do comprimento de vagem foram selecionadas dez vagens de cada planta por acesso, aleatoriamente prosseguindo com medição do comprimento das vagens com auxílio de fita métrica e os valores foram somados e divididos pela quantidade de vagens. O número de grãos por vagem foi obtido através da contagem do número de grãos nas dez vagens coletadas por planta de cada acesso. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância utilizando o programa Genes. Os resultados da análise de variância revelaram não haver efeito significativo para os dois descritores avaliados. Isso mostra que não existe variação entre os acessos em relação aos descritores comprimento e vagem e número de grãos por vagem. Assim conclui-se que não existe variabilidade entre os cinco acessos de feijão caupi avaliado.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; caracterização; variabilidade.

Agradecimentos: Ao IFTO pela concessão da bolsa de pesquisa, a professora Aline da Silva Santos pela orientação, aos estudantes voluntários pela ajuda nos trabalhos de campo.



FENOLOGIA DE CULTIVARES DE NECTARINA PERTENCENTES A VITRINE TECNOLÓGICA DO IDR-PARANÁ

Daniel Mocelin Silveira^{1*}; Clandio Medeiros da Silva²; Flávio Corrêa de Carvalho³; André Luiz Oliveira de Francisco⁴; Camila Lavorki Zela⁵; Robson Alexandre Opoles⁶

1; 2; 3; 4; 5; 6|IDR - Paraná. *danielmocelin@hotmail.com

A adaptabilidade de uma frutífera varia de acordo com diferentes regiões devido a diferenças climáticas, uma vez que a necessidade de frio hiberna influência diretamente no ciclo fenológico. Desta maneira, estudar a fenologia e a adaptabilidade em diferentes regiões é de suma importância para conhecer o comportamento destes recursos genéticos e assim ajudar o produtor na escolha correta da cultivar para que ele obtenha o melhor de sua genética e favorecer uma colheita escalonada em pomares comerciais. O objetivo deste estudo foi caracterizar o ciclo fenológico de três cultivares de nectarina pertencentes a Vitrine Tecnológica de Fruticultura de Clima Temperado do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná) localizado na cidade de Lapa – PR. As avaliações de fenologia foram realizadas a campo durante duas vezes por semana em três cultivares de nectarina (Bruna, Sunracer e Sungold) no ano de 2019. Para este estudo foi avaliado um total de 15 plantas por cultivar, observando a data de início de oito fases fenológicas denominadas de gema dormente, ponta verde, botão rosa, floração, queda das pétalas, vingamento, frutos em desenvolvimento e frutos maduros. Sabe-se que o ciclo fenológico de cada cultivar está diretamente relacionado com as horas de frio durante o ano, em 2019 na região deste estudo foram computadas 192 horas de frio ($\leq 7,2^{\circ}\text{C}$). Na região deste estudo, o ciclo total (gema dormente a frutos maduros) das cultivares Bruna, Sunracer e Sungold foi de 129, 123 e 121 dias respectivamente. Em relação ao início da floração a cultivar Sunracer foi a mais precoce, iniciando em 30 de julho, já a cultivar Bruna foi em 02 de setembro e a Sungold em 09 de setembro, ambas sendo mais tardias. Com relação ao período de frutificação (floração a frutos maduros) a cultivar Sungold teve um período de 79 dias, considerado curto quando se compara a Bruna e Sunracer que tiveram um período de 94 e 98 dias respectivamente. Para o estágio frutos maduros (período em que se pode iniciar a colheita) a cultivar Bruna iniciou em 05 de dezembro, a Sunracer em 05 de novembro e a Sungold em 27 de novembro, mostrando a importância do produtor optar por mais de uma cultivar ampliando seu período de colheita. Quando classificadas em relação ao ciclo total as três cultivares analisadas neste estudo são consideradas precoces. No melhoramento genético de nectarina, essas informações são muito importantes para trabalhos de ampliação da base genética visando a obtenção de novos genótipos de nectarina que atendam aos produtores.

Palavras-chave: *Prunus pérsica* var. *nucipersica*; Melhoramento Genético; Ciclo Fenológico.

Agradecimentos: Ao CNPq e Fundação Araucária pela concessão das bolsas e ao IDR-Paraná pela estrutura na realização do experimento.



CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS PARA A DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)

Maria Santa de Sousa Silva¹; Michelle dos Santos Nascimento^{1*}; Vanessa de Araújo Sousa¹; Denilson Lopes¹; Marilha Vieira de Brito²; Gérson do Nascimento Costa².

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Federal do Piauí.

*michellebiouema@gmail.com

As pimentas do gênero *Capsicum* são cultivadas em todo o território brasileiro e apresentam ampla variabilidade de tamanhos, cores, sabores e pungência. A caracterização das coleções de germoplasma e a determinação da distância genética entre os acessos têm grande importância na identificação e seleção de genótipos de interesse aos programas de melhoramento, entretanto, o uso de muitos caracteres morfoagronômicos pode demandar tempo e trabalho prolongado, e alguns caracteres podem não ser tão contribuintes para a divergência. O presente estudo objetivou-se em avaliar a contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética entre 50 acessos de pimentas. O experimento foi conduzido em telado, localizado no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Piauí, no período de fevereiro a novembro de 2017, no qual os acessos foram delineados inteiramente ao acaso, com quatro repetições, com uma planta por parcela, e caracterizados com base em 12 caracteres quantitativos, sendo eles: número de dias para o florescimento; número de dias para a maturação; altura da planta; comprimento do pedicelo; número de frutos por plantas; persistência dos frutos; comprimento do fruto; largura do fruto; peso do fruto; número de sementes por fruto; comprimento da folha e largura do dossel vegetal. Para estimar a dissimilaridade existente entre os acessos, foi realizada a análise de variância univariada e a partir da distância generalizada de Mahalanobis, foi quantificada a contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética, de acordo com o critério proposto por Singh. Pela análise de variância, evidenciaram-se diferenças significativas entre os acessos de pimentas para todos os caracteres. A contribuição relativa dos caracteres quantitativos para a divergência genética pelo método de Singh mostrou que os caracteres comprimento do fruto e largura do fruto com valores, 18,5 e 14,9%, respectivamente, foram os que mais contribuíram para a divergência entre os acessos estudados. Largura do dossel vegetal apresentou apenas 2% de contribuição relativa, sendo, portanto, sugerido para descarte. Os acessos de pimentas alocados no Banco de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí apresentaram alta variabilidade, sendo o comprimento e a largura dos frutos os caracteres que contribuíram em mais de 33% para tal dissimilaridade, dessa forma, sendo os caracteres quantitativos mais adequados e necessários para futuras caracterizações de germoplasma de pimentas.

Palavras-chave: Germoplasma; Método de Singh; Variabilidade.



POTENCIAL AGRONÔMICO E DESEMPENHO MORFOLÓGICO DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA NO MUNICÍPIO DE SÃO DOMINGOS DO MARANHÃO (MA)

Pedro Emartino Bezerra Campelo¹; Giovanna Maria Resplandes Mendes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹.

¹Universidade Federal do Piauí. *pedroemartino_campelo@hotmail.com

O feijão-fava é uma cultura que tem ampla importância alimentar, sendo muito cultivado na região nordeste. Entretanto, pesquisas com a cultura ainda são escassas, havendo poucos estudos de melhoramento, e assim não se encontram variedades desenvolvidas e recomendadas para as regiões produtoras. Desse modo, o agricultor utiliza variedades crioulas que apresentam baixa produtividade, gerida pela ampla variabilidade genética desta cultura, da qual temos pouco conhecimento. Portanto, objetivou-se identificar genótipos superiores de feijão-fava, avaliando o potencial agronômico e desempenho de caracteres morfológicos relacionados à cultura em diferentes arranjos populacionais para recomendação aos produtores. O experimento foi realizado em área experimental em São Domingos do Maranhão, foi utilizado delineamento em blocos casualizados (DBC) em fatorial com os cinco genótipos (UFPI1299, UFPI1297, UFPI1246, UFPI1235 e UFPI 1266) e duas densidades de plantio (12500 covas/hectare e 25000 covas/hectare) distribuídos em quatro repetições. As parcelas, de 3,2 m x 4,0 m, possuíam quatro fileiras, espaçadas de 0,8 m, e entre plantas de 1,0 m e 0,5 m. Foram avaliados comprimento, largura e espessura de vagem e de grão e número de grãos por vagem, e espaçamento, sendo em seguida avaliados por teste de média de Tukey. A análise foi realizada por meio do programa estatístico R. Para os descritores comprimento, largura e espessura de vagem, todas as variedades analisadas obtiveram algum destaque, com interação significativa com o espaçamento, onde a menor densidade populacional, de 12500 covas/hectare, se sobressaiu. Para as características comprimento do grão, largura do grão e peso de 100 grãos, os genótipos UFPI1297 e UFPI1246 obtiveram as melhores medias, bem como o espaçamento de 1,0 m entre plantas. Em espessura de grãos e número de grãos por vagens, não houve diferença entre os genótipos e espaçamentos. Quanto a produtividade, as variedades estudadas não diferiram entre si, contudo a maior densidade de plantio se mostrou mais vantajosa. As variedades crioulas apresentaram variabilidade quanto às suas características morfológicas e às densidades de plantio. O adensamento da população para 25000 covas/hectare foi positivo para a produtividade, e a densidade de 12500 covas/hectare para os caracteres que houve interação, sendo necessário continuar estudos de avaliação de desempenho das variedades crioulas.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L; densidades de plantio; avaliação morfoagronômica.

Agradecimentos: à UFPI, FAPEPI.



MARCADORES ISSR NA ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM *CAPSICUM* spp.

Bruna Dias Gomes Brilhante Cremonini¹; Raissa Olmo Lacerda Pirovani²; José Dias de Souza Neto³; Monique Moreira Moulin⁴

¹Universidade Federal do Espírito Santo. ²Instituto Federal do Espírito Santo. ³Instituto Federal do Espírito Santo. ⁴Instituto Federal do Espírito Santo. * brunabrilhante@hotmail.com.

O gênero *Capsicum* compreende 37 espécies, das quais cinco são consideradas domesticadas, a saber: *C. annuum* var. *annuum*, *C. baccatum* var. *pendulum*, *C. pubescens*, *C. frutescens* e *C. chinense*. Objetivou-se com este estudo a avaliação da diversidade genética entre 69 acessos de *Capsicum* spp. por meio de 18 marcadores moleculares ISSR. O agrupamento dos acessos foi obtido pelo método UPGMA, proporcionando a formação de 18 grupos, sendo realizado um corte à 0,235 e correlação cofenética de 0,89. As análises foram realizadas com o auxílio do programa Genes. Os grupos I, II e III alocaram 50 acessos, representando 72,4% do total. No grupo I, 88,24% dos acessos pertence a espécie de *C. chinense*, a saber: (IFCA 25, IFCA 26, IFCA 32, IFCA 33, IFCA 34, IFCA 35, IFCA 36, IFCA 37, IFCA 38, IFCA 39, IFCA 40, IFCA 43, IFCA 44 e IFCA 47 e IFCA 48). Dentre as espécies domesticadas, *C. chinense* é considerada a de maior variabilidade intraespecífica, refletindo diretamente no agrupamento de acessos morfológicamente distintos, como ocorre nesse grupo. Já no grupo II, a maior parte dos acessos, correspondendo a 53%, pertence a espécie de *C. baccatum* var. *pendulum* (IFCA 10, IFCA 12, IFCA 16, IFCA 58, IFCA 69, IFCA 85, IFCA 90, IFCA 94 e IFCA 101). O grupo III é o mais heterogêneo ao reunir sete acessos de *C. baccatum* var. *pendulum* (IFCA 59, IFCA 60, IFCA 67, IFCA 71, IFCA 76, IFCA 81 e IFCA 82), sete acessos de *C. chinense* (IFCA 53, IFCA 56, IFCA 57, IFCA 61, IFCA 62, IFCA 68 e IFCA 92), um acesso de *C. frutescens* (IFCA 55) e o único representante da espécie de *C. annuum* var. *annuum* (IFCA 63). Os acessos IFCA 5 e IFCA 6 de *C. baccatum* var. *pendulum* ficaram reunidos em um mesmo grupo, assim como IFCA 22 e IFCA 23 (*C. chinense*); IFCA 49 (*C. chinense*) e IFCA 50 (*C. baccatum* var. *pendulum*) e IFCA 72 (*C. frutescens*) e IFCA 74 (*C. chinense*). Os acessos IFCA 1, IFCA 2, IFCA 3, IFCA 4, IFCA 7, IFCA 8, IFCA 9, IFCA 24 e IFCA 31 e IFCA 51 ficaram alocados em um único grupo, cada. Acredita-se que o agrupamento de diferentes espécies dentro de um mesmo grupo, deve-se a estreita proximidade relativa existente entre as espécies, ressaltando-se que as características em comum dentre os acessos alocados em um grupo não são, de fato, o motivo pelo qual eles foram agrupados, pois os marcadores utilizados não são específicos para determinadas características. Os resultados obtidos demonstraram eficiência dos marcadores ISSR na detecção de polimorfismos moleculares, revelando variabilidade genética entre os 69 acessos estudados.

Palavras-chave: *Capsicum* spp.; diversidade genética; marcadores issr.



CAPACIDADE PRODUTIVA DE ACESSOS DE CAMBUIZEIROS (*Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg)

Aline Evelle da Silva Lima^{1*}; José Dailson Silva de Oliveira¹; Alessandra da Silva Araújo¹; Cibele Merched Gallo²; Leila de Paula Rezende¹; Eurico Eduardo Pinto de Lemos¹

¹Universidade Federal de Alagoas, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Laboratório de Biotecnologia Vegetal. ²Faculdade São Vicente de Pão de Açúcar. E-mail: aline.lima@ceca.ufal.br

O Cambuizeiro é uma espécie frutífera de grande potencial econômico e nutricional que se encontra distribuída por todo território brasileiro, e no Estado de Alagoas, ocorre naturalmente nas regiões litorâneas, nas restingas do sul do estado. Esta espécie é explorada nas áreas de ocorrência por populações locais exclusivamente em caráter extrativista. A domesticação de espécies frutíferas nativas através da seleção e obtenção de uma população melhorada, pode ser uma alternativa econômica para os fruticultores no Estado de Alagoas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a capacidade produtiva e características físicas dos frutos de 15 acessos de Cambuizeiros em duas safras, do banco ativo de germoplasma de cambuí (BAG cambuí) localizado no Campus de Engenharias e Ciências Agrárias (CECA/UFAL). Nas plantas com 8 anos de idade foram avaliadas a produção total de frutos, o número de frutos por planta e as características físicas dos frutos [peso do fruto, peso da semente, número de sementes por fruto, firmeza da polpa, rendimento da polpa, diâmetro longitudinal (DL) e diâmetro transversal (DT)]. Os dados foram submetidos a ANAVA e ao teste de média de Scott-Knott ($p < 0,05$) pelo software Sisvar 5.6. Os acessos L1P9, L3P12, L4P8, L5P12 e L5P13 apresentaram maior capacidade produtiva não diferindo estatisticamente entre si. A produção total variou de 0,26 kg a 4,83 kg planta⁻¹ na primeira safra e 0,37 kg a 5,04 kg planta⁻¹ na segunda safra. A quantidade de frutos produzidos variou entre 565 e 10.900 frutos por acesso nas duas safras. Os resultados das características físicas mantiveram-se entre 0,44 e 0,93 g, 0,13 e 0,39g para peso do fruto e semente, respectivamente. O maior número médio de sementes por fruto foi de 1,89. Para firmeza da polpa, obteve-se valores entre 1,90 e 5,31 N, e com relação ao tamanho dos frutos, o maior DL foi de 9,83 mm e o maior DT de 12,92 mm. O rendimento de polpa variou de 30,90 a 73,11% entre os acessos. A superioridade na capacidade produtiva de alguns acessos sobre outros nas duas safras, associado à boas características físicas dos frutos, evidenciou a importância da seleção de plantas matrizes para a obtenção de uma população melhorada de Cambuizeiro.

Palavras-chave: planta nativa; seleção; população melhorada.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES); Universidade Federal de Alagoas (UFAL)



RESPOSTAS DE GENÓTIPOS DE ALFACE À ISOLADOS DE *Bremia lactucae*

Izabella Garbeline Okuma^{1*}; Pablo Forlan Vargas¹; Leila Trevisan Braz¹; Livia Tálita da Silva Carvalho¹; Leandro Henrique Lieira¹; Lucas Caruza Angelo¹; Natáli Vidal¹ *izabella.garbeline@unesp.br

O míldio, *Bremia lactucae*, é uma das principais doenças que acometem a cultura do alface, principalmente nas condições de alta umidade e baixa temperatura. O surgimento de novas raças tem sido motivo de estudo para que melhoristas detectem novos genes de resistência. Para isso faz-se necessário constante monitoramento para que se possa avaliar a disseminação do patógeno bem como o desenvolvimento de cultivares resistentes a partir de genótipos que possuem gene ou fatores de resistência. Assim, objetivou-se monitorar o comportamento dos isolados de *B. lactucae* presentes em regiões produtoras de alface no estado de São Paulo em 2020. As amostras de folhas com sintomas de *B. lactucae* foram coletados nas cidades de Tupã, Ribeirão Preto e Monte Alto, a partir das quais foram multiplicadas em genótipos suscetíveis para início à fase de diferenciação. Os genótipos diferenciadores foram avaliados, atribuindo os seguintes sinais para interpretação dos resultados +, (+), - e (-), conforme a porcentagem de níveis de danos presentes nos genótipos de alface, tanto diferenciadores quanto suscetíveis. A partir do código sextet, obtido da soma da análise do percentual de plantas lesionadas, pode-se observar que, nos oito isolados avaliados, houve a identificação de quatro fenótipos de virulência. Verificou-se que as amostras coletadas na cidade de Tupã teve o código sextet 31/25/02, evidenciando que o isolado teve um comportamento mais agressivo para os grupos A e B dos genótipos diferenciadores. Nas amostras coletadas em Ribeirão Preto, as avaliações obtiveram a somatória do código sextet 31/00/00, mostrando que os isolados tiveram comportamento responsivo apenas para as cultivares do grupo mais suscetível a doença. Enquanto na cidade de Monte Alto, os isolados coletados manifestaram os sinais do patógeno no grupo de diferenciadoras mais suscetíveis e em algumas cultivares dos grupos mais resistentes ao míldio, conforme evidenciado na somatória, 31/03/00. Com os genótipos RyZ91, Bedford, Balesta, Bartolli, Desing e Kibrile, resistentes a tal isolado.

Palavras-chave: *Bremia lactucae*; alface; resistência.

Agradecimentos: Agristar do Brasil.



AVALIAÇÃO DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES ARMAZENADAS DE GENÓTIPOS DE CAPIM-BUFFEL (*Cenchrus ciliaris* L.)

Jamille Cardeal da Silva¹; Simonica Sousa da Silva Lima ¹; Jailton de Jesus Silva¹; Raquel Araújo Gomes²; Bárbara França Dantas².

¹Universidade Estadual de Feira de Santana. ²Embrapa semiárido.
*jamillecardeal@outlook.com.

Há muitos anos o uso de gramíneas forrageiras vem sendo utilizada como principal fonte de alimento para os animais de regiões áridas e semiáridas. O capim-buffel (*Cenchrus ciliaris* L.) está entre as forrageiras mais cultivadas devido seu enorme potencial produtivo de forragem. A qualidade de sementes bem como seu vigor é resultante de somatórios de atributos genéticos, fisiológicos, físicos e sanitários, fatores estes fundamentais para que a semente realize suas funções vitais. Nesse contexto, o armazenamento adequado de sementes exerce papel fundamental. Diante disso, o objetivo do trabalho foi avaliar diferentes genótipos de capim-buffel armazenados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semiárido durante 14 anos. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado (DIC), com um esquema fatorial 14 × 2 (quatorze genótipos e duas soluções de embebição). Para avaliação da germinação as sementes foram colocadas para germinar em água destilada e nitrato de potássio (KNO₃) a 0,2%, 4 repetições de 50 sementes foram semeadas em caixas tipo *gerbox*. As avaliações foram realizadas a cada 7 dias durante 21 dias, considerando-se a germinação como a emissão de radículas (2 mm). Foi avaliada também a porcentagem de sementes vazias de cada lote. A partir destes dados, foi calculada a porcentagem de germinação relativa ($R\% = \text{germinação final} \times 100 / \text{número de sementes cheias}$) e plântulas normais (PN) Em geral, o tratamento com KNO₃ não aumentou a porcentagem de germinação dos 14 genótipos avaliados, indicando que a dormência das sementes foi superada com o tempo. Dos 14 genótipos avaliados, aquele que apresentou maior porcentagem de germinação foi o G144 com (67,25%) enquanto que o G613 foi o que apresentou a menor porcentagem de germinação (11,25%). A cultivar Biloela apresentou maior porcentagem de germinação relativa (82,87%). Por outro lado, o G613 apresentou um alto número de sementes vazias, explicando a sua menor porcentagem de germinação e germinação relativa. Apenas para G129 a porcentagem de PN diferiu significativamente quando tratadas com KNO₃ (37,0%). Apenas 14,5% a 19,0% de plântulas normais foram formadas em substrato embebido com água destilada, evidenciando que o KNO₃ apesar de não estimular a germinação de sementes armazenadas, induziu um maior desenvolvimento de plântulas. Infere-se que o tempo de armazenamento pode ter influenciado na qualidade fisiológica das sementes de capim-buffel, superando a dormência das sementes, mas diminuindo a qualidade fisiológica das mesmas.

Palavras-chave: forrageira; germinação; conservação; semiárido

Agradecimentos: CAPES; Embrapa Semiárido.



DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE PIMENTA ORNAMENTAL

Vanessa de Araújo Sousa^{1*}; Maria Santa de Sousa Silva¹; Michelle dos Santos Nascimento¹; Gérson do Nascimento Costa²; Ângela Celis de Almeida Lopes²; Regina Lucia Ferreira Gomes².

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Federal do Piauí.

*vanessinha.bn@gmail.com

As pimentas do gênero *Capsicum* são cultivadas em todo o mundo, e possuem um importante segmento no mercado de hortaliças frescas no Brasil, além de apresentarem adaptações ao clima tropical e com ampla variabilidade genética. Além do que possuem características de valor estético para ornamentação, como folhas variegadas, frutos de cores intensas e pequeno porte, podendo assim ser plantadas em pequenos vasos, adornar jardins e algumas variedades, quando cortadas, são usadas em arranjos de flores. A diversidade morfológica de *Capsicum* disponível é um dos atributos essenciais que o mercado de ornamentais busca, entretanto, pouco tem sido estudado com relação a sua produção e melhoramento. Diante disso, o presente estudo objetivou-se em avaliar a dissimilaridade genética entre oito acessos de pimenta ornamental, *C. annuum* L., procedentes do Banco de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí, por meio de descritores qualitativos e quantitativos. O experimento foi conduzido em telado, localizado no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Piauí, onde os acessos foram delineados inteiramente ao acaso, com oito repetições, uma planta por parcela, e caracterizados com base em 35 descritores, sendo 23 qualitativos multicategóricos e 12 quantitativos. Foram realizadas análises de variância e de comparação de médias e plotado um dendrograma pelo método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). Pela análise de variância, evidenciaram-se diferenças significativas entre os acessos de pimentas. O dendrograma foi obtido a partir da análise combinada de descritores quantitativos e qualitativos em acessos de *Capsicum*, por meio da distância generalizada de Gower e do método de agrupamento UPGMA, sendo o corte a 35% e formando quatro grupos e com coeficiente de correlação cofenética (r) = 0,76. O acesso BAGC 220 foi o mais divergente apresentando frutos vermelhos rosados em cachos, entretanto, o grande destaque desse estudo foi o acesso BAGC 199, que exibiu estética harmoniosa para porte, folhagem, flores e frutos, mostrando-se apropriado ao cultivo em vaso, podendo ser submetido à seleção para obtenção de linhas puras para flores e frutos roxos, atuais tendências do mercado de pimenteiras ornamentais. O estudo ainda permitiu indicar os cruzamentos: BAGC 199 x BAGC 100, visando melhoria de densidade foliar; BAGC 199 x BAGC 203, para o número de frutos e BAGC 98 x BAGC 236, para tonalidade dos frutos.

Palavras-chave: *Capsicum*; Cores; Frutos; Germoplasma.

Agradecimentos: À CAPES, UFPI.



CARACTERIZAÇÃO DE PLOIDIA INDUZIDA EM *Heliconia chartacea* var *Sexy Pink*

Marcelo Domingues Martins Raizer^{1*}; Maria Teresa Gomes Lopes²; Regina Caetano Quisen³; Ricardo Lopes¹; Filipe Almendagna Rodrigues⁴; Moacir Pasqual⁴.

¹Embrapa Amazônia Ocidental. ²Universidade Federal do Amazonas. ³Embrapa Florestas. ⁴Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor apresentador: marcelo_raizer@hotmail.com.

A coleção de *Heliconia chartacea* var. *Sexy Pink*, do Campo Experimental da sede da Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, Amazonas, originou-se de um ensaio de indução à ploidia in vitro com diferentes concentrações de colchicina. A referida coleção está sendo caracterizada para uso em programas de melhoramento genético. A técnica de citometria de fluxo possibilita o estudo de genomas vegetais e é capaz de detectar mixoploidias entre os indivíduos de uma coleção, assim como a *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP) é um método mais sensível, rápido e relativamente simples para caracterização genética. O objetivo do estudo foi determinar o conteúdo de DNA por citometria de fluxo e caracterizar diversidade genética entre os genótipos utilizando marcador molecular AFLP. A citometria de fluxo possibilitou a identificação de 11 indivíduos mixoploides, entre os 37 genótipos da coleção. Normalmente, indivíduos mixoploides não são interessantes em um programa de melhoramento genético porque tendem a se tornarem na maioria das vezes diplóides com o passar dos ciclos, uma vez que as células diplóides se multiplicam a taxas mais altas do que as células tetraplóides, porém esta convergência irá depender do nível de mixoploidia presente nas células. Foi possível também a identificação de quatro indivíduos tetraploides (genótipos 12, 13, 33 e 36) que podem ser explorados nos programas de melhoramento da espécie. Para a técnica de AFLP, entre as 19 combinações de oligonucleotídeos utilizados, três foram selecionados para a análise de todas as amostras por apresentarem maior número de locos polimórficos e melhor qualidade na amplificação de bandas. As três combinações dos *primers* utilizados para a análise de AFLP revelaram um total de 519 bandas, variando entre 100 e 800 pares de bases. O número total de locos por *primer* variou de 157 a 188. O uso dos três *primers* mostrou-se satisfatório para a detecção de polimorfismo entre os genótipos poliploides de *H. chartacea* var. *Sexy Pink*. A quantidade de variação genética obtida pela análise de variância molecular mostrou que 99,67% da variabilidade genética dentro dos tratamentos com colchicina analisados, e apenas 0,33% entre os tratamentos dos clones de *H. chartacea*, evidenciando os efeitos aleatórios deste agente mutagênico. A técnica de citometria de fluxo permitiu a identificação de 4 genótipos tetraploides e 11 mixoploides, contribuindo com as demais técnicas empregadas na identificação de genótipos potenciais para novos programas de melhoramento genético e futuramente na obtenção de novas variedades.

Palavras-chave: Flores tropicais; Melhoramento genético; Colchicina.

Agradecimentos: A Embrapa Amazônia Ocidental, a Universidade Federal do Amazonas; a Universidade federal de Lavras e a FAPEAM.



CARACTERIZAÇÃO BROMATOLÓGICA DE RESÍDUOS DE ABACAXIZEIROS PÓS DESFIBRAMENTO DA FOLHA PARA ALIMENTAÇÃO ANIMAL

Cintia Paula Feitosa Souza^{1*}; Everton Hilo de Souza²; Daniele Rebouças Santana Loures¹ Fernanda Vidigal Duarte Souza²

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ² Embrapa Mandioca e Fruticultura. * cintiapaula2006@gmail.com

A busca por novos materiais e a maximização dos recursos naturais por meio de processos e produtos, tem levado ao estudo e exploração de materiais oriundos de fontes renováveis. As fibras extraídas das folhas do 'Curauá', um abacaxizeiro de origem amazônica, têm recebido especial atenção por parte dos pesquisadores por suas propriedades mecânicas. No Banco Ativo de Germoplasma de Abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura foi realizado um trabalho de caracterização e posterior hibridação com o 'Curauá' (*Ananas comosus* var. *erectifolius*) a fim de se obter híbridos de dupla finalidade: uso ornamental e voltados para produção de fibras. Como resultado foram selecionados quatro híbridos com fibras de qualidade. Por outro lado, no processo de desfibramento fica um resíduo mucilaginoso (bagaço) que tem potencial para alimentação animal. Em vista disso o objetivo desse trabalho foi realizar uma caracterização bromatológica dos híbridos FIB-EST, FIB-BOY, FIB-NEG e FIB-POT a fim de avaliar o valor nutritivo, tanto das folhas inteiras, quanto do bagaço após desfibramento mecânico. Para os testes bromatológicos foram determinados os teores de matéria seca (MS), cinzas, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina (LIG), extrato etéreo (EE) e proteína bruta (PB). Foi feita uma análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0.05$). Para a porcentagem de MS o híbrido FIB-POT diferiu significativamente com os maiores percentuais, tanto para folha inteira como para o bagaço (18,04 e 23,06%), respectivamente. Quanto ao teor de cinzas não houve diferença estatística entre os híbridos. O híbrido FIB-EST apresentou os melhores resultados, tanto na avaliação da folha inteira, como do bagaço, para as frações de FDN (68,30 e 63,15%) e FDA (46,10 e 36,55%). Em relação a porcentagem de LIG foi observada diferença significativa para FIB-EST (16,50 e 19,97%), folha inteira e bagaço. Analisando o EE, FIB-EST e FIB-BOY diferiram significativamente dos outros híbridos quanto à avaliação da folha inteira (1,62 e 1,70%) respectivamente, enquanto que para o bagaço não houve diferença entre os híbridos. Para a proteína bruta, ao considerar a folha inteira não houve diferença entre os híbridos, entretanto no bagaço das folhas o híbrido FIB-EST foi superior aos demais, diferindo com 8,51%. Ao considerar os híbridos estudados é possível afirmar que o FIB-EST se destacou para quase todos os testes realizados, ainda que, pelos resultados obtidos mostram que o bagaço após o desfibramento da folha pode se constituir em uma alternativa interessante para complementar a alimentação animal.

Palavras-chave: *Ananas comosus* (L.) Merr., fibras vegetais, alimentação animal.

Agradecimentos: FAPESB; CNPq; CAPES/PROCAD; CAPES/PNPD/UFRB; UFRB, EMBRAPA.



CONTEÚDO DE DNA (2C) E PLOIDIA DE *SOLANUM MALMEANUM* (SOLANACEAE)

Rodrigo Nicolao¹; Guilherme Longaray Klasen¹; Aryane Campos²; Saulo Marçal de Sousa²; Caroline Marques Castro³ Gustavo Heiden³

¹Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas.

²Universidade Federal de Juiz de Fora. ³Embrapa Clima Temperado.

*rodrnicolao@gmail.com

Solanum malmeanum Bitter (Solanaceae) é um parente silvestre da batata (*S. tuberosum* L.) nativo do Brasil, Argentina, Paraguai e Uruguai. O conteúdo do DNA nuclear é uma informação importante em programas de melhoramento genético. O valor C refere-se à estabilidade da quantidade de DNA nuclear de um organismo em um complemento cromossômico monoploide, independentemente da ploidia. Uma vez que o conteúdo de DNA (2C) está relacionado ao nível de ploidia, a citometria de fluxo é uma alternativa eficiente a outros métodos como a contagem de cromossomos. O estudo visou estimar o conteúdo de DNA (2C) e inferir a ploidia de oito acessos de *S. malmeanum* (BGB015, BGB017, BGB021, BGB080, BGB081, BGB443, BGB446, BGB471), do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Batata da Embrapa Clima Temperado. Foram coletadas folhas jovens (30 mg por acesso), que foram fragmentadas em 700 µL de tampão de extração WPB. A solução foi filtrada em uma tela de nylon (50 µm) e adicionada de 25 µL de tampão de extração com 1 mg/mL de iodeto de propídeo e 5 µL de RNase. A suspensão obtida permaneceu por 1 hora no escuro a temperatura ambiente. Para cada amostra 10000 núcleos foram analisados usando escala logarítmica, em citômetro de fluxo CytoFLEX LX (Beckman Coulter). Folhas de *Pisum sativum* L. foram utilizadas como padrão interno (9,09 pg/2C). Para cada acesso foram realizadas 3 leituras. O conteúdo 2C foi calculado usando o pico médio de 3 repetições/amostra e do padrão interno. Somente medidas com coeficientes de variação menores que 5% foram consideradas. Os coeficientes de variação encontrados para os picos G1 variaram de 3,63% a 5%. Foram inferidos dois níveis de ploidia em *S. malmeanum*: diploide (2x) e triploide (3x). O conteúdo de DNA (2C) observado variou entre 1,89 a 3,03 pg. A variação no conteúdo 2C de DNA nuclear foi de 1,89 a 2,18 pg nos diploides e 2,82 a 3,03 nos triploides. BGB017 apresentou o menor conteúdo de DNA entre os diploides (1,89 pg), seguido por BGB015 (1,95 pg), BGB471 (2,05 pg), BGB443 (2,05 pg), e o maior valor foi observado no BGB446 (2,18 pg). Entre os triploides, BGB021 e BGB081 apresentaram os menores conteúdos de DNA (ambos com 2,82 pg), já o maior conteúdo foi observado no BGB080 (3,03 pg). Portanto, sugerimos que os acessos BGB015, BGB017, BGB443, BGB446, BGB471 são diploides, enquanto BGB021, BGB080 e BGB081 são triploides. Estudos citogenéticos futuros possibilitarão confirmar a ploidia inferida.

Palavras-chave: batata-silvestre, caracterização, germoplasma.

Agradecimentos: CNPq (429368/2016-0) e FAPERGS (19/2551-0001703-0) pelo auxílio à pesquisa, e CNPq (830425/1999-3) pela bolsa de mestrado.



DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE JENIPAPEIRO BASEADA EM CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS VIA ANÁLISE MULTIVARIADA

Josefa Grasiela Silva Santana^{1*}; Milena Nascimento Cardoso²; Ana Letícia Sirqueira Nascimento²; Alex Souza de Jesus²; Ana Veruska Cruz da Silva³

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF; ²Universidade Federal de Sergipe – UFS; ³Embrapa Tabuleiros Costeiros - CPATC
*grasi_agronomia@hotmail.com

O jenipapeiro (*Genipa americana* L.) é uma planta nativa presente nos biomas de Floresta Amazônica, Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal, além de amplamente distribuída na América Tropical, sendo encontrada do México a Patagônia. É uma espécie usada para restauração de florestas, em processos de arborização urbana, para consumo dos frutos *in natura*, para fabricação de doces, vinhos e licores, além do uso na farmacologia e cosmetologia. Apesar da sua relevância devido a multiplicidade de usos, há poucas informações quanto a diversidade para conservação desses recursos genéticos. Nesse contexto, a proposta deste trabalho foi mensurar a variabilidade fenotípica de 24 acessos de jenipapeiro (AJ (Aracaju-SE), AR1, AR2, AR3 e AR4 (Araújo-SE), BA (Recôncavo-BA), BO1 e BO2 (Boquim-SE), CA (Cauêira-SE), CER (Núcleo Bandeirante-DF), CR1, CR2, CR3, CR4 e CR5 (Povoado Criolo-SE), CRA (Cruz das Almas-BA) CV (Cascavel, CE), IT (Itaporanga d'Ajuda-SE), LA (Laranjeiras-SE), MA (Maruim-SE), MS (Men de Sá-SE), SA (Sabinópolis-MG), SDV (Salto da Divisa-MG) e SO (N. Sra do Socorro-SE)) que constituem o Banco Ativo de Germoplasma (BAG) pertencente a Embrapa Tabuleiros Costeiros. Para isso, 220 indivíduos foram avaliados para as seguintes características morfológicas: Altura da planta (AP), Circunferência à altura do peito (CAP), Diâmetro à altura do peito (DAP), Comprimento da lâmina foliar (CLF), Largura da folha (LF) e Comprimento do pecíolo (CP). Os valores médios das características foram submetidos aos testes de Bartlett e índice de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) e após padronização seguiu-se a análise de componentes principais (ACP). Obteve-se 94,7 % de variabilidade em dois componentes principais. O primeiro CP reuniu as variáveis AP, CAP e DAP que representaram a maior variação (52,8 %) nos indivíduos avaliados. O segundo CP reuniu CLF, LF e CP com 41,9 % da variabilidade fenotípica. As características DAP e CP tiveram a maior (17,5 %) e menor (15 %) porcentagem de contribuições para a diversidade, respectivamente. Altas magnitudes de correlação foram observadas entre as características AP, CAP, e DAP relacionadas à altura da planta. Também foi observada alta magnitude de correlação entre as características CLF e LF relacionadas ao tamanho da folha, enquanto a característica CP apresentou correlação moderada com as demais características. Dos 24 acessos avaliados, os mais divergentes foram BA, AR2, AR3, AR4, MA, CR5, SDV, CRA, e os mais similares foram CV, SO, CR3, MS, IT e BO1. Tais informações sobre a variabilidade fenotípica entre os acessos de jenipapeiro auxiliam as tomadas de decisão quanto a manutenção dos acessos, e dão alicerce para definir estratégias a serem adotadas em futuros programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: *Genipa americana* L.; espécie nativa; distância genética.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa ou instituições de ensino.



CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE *Cattleya intermédia* Grah.

Kassia Maria Cruz Souza^{1*}; Arlindo Ananias Pereira da Silva^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Paulo Eduardo Teodoro²; Dayane Bortoloto da Silva¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Karina da Silva Souza¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: kassia.maria@unesp.br.

Cattleya intermedia é uma espécie distribuída nas regiões Sul e Sudeste do Brasil em ambientes de Mata Atlântica. Essa espécie possui alto valor ornamental, o que a tem levado à pressão de coleta para fins lucrativos desde a década de 1940. Além disso, deve-se atentar ao fato de estar distribuída dentro de uma das áreas mais desenvolvidas economicamente do Brasil e, dessa forma, a perda e fragmentação de hábitat são ameaças à sua população. Estudos genéticos indicaram que a hibridização da espécie também tem sido uma ameaça, alterando drasticamente o fluxo gênico entre subpopulações. A espécie tem algumas ações de conservação regionais como estudos de cultivo *ex situ*, preservação e reintrodução *in situ*. Apesar desses esforços, suspeita-se que tenha sofrido uma redução superior a 30% da sua população nos últimos 50 anos devido à coleta indiscriminada. Portanto se faz necessário realizar o monitoramento, proteção e conservação dessa espécie, que já é classificada “Vulnerável” segundo o Livro Vermelho da Flora do Brasil e a União Internacional para Conservação da Natureza. Com o intuito de se estudar essa espécie, bem como conhecer a variabilidade entre acessos, este trabalho teve como objetivo determinar os teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de 43 acessos obtidas via polinização aberta, mantidos em casa de vegetação no município de Três Lagoas – MS. As coletas foram realizadas na folha completamente expandida do terceiro pseudobulbo a partir do meristema caulinar dos 43 indivíduos. As características avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada a estatística descritiva, por meio do software SISVAR. Os indivíduos de *C. intermedia* apresentaram teores médios de clorofila a de $53,05 \pm 1,61 \mu\text{g/g}$ de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 19,85%. Para a clorofila b os indivíduos apresentaram teor médio de $57,93 \pm 1,25 \mu\text{g/g}$ MF e CV de 14,19%. Para teor médio de carotenóides nas folhas, os indivíduos apresentaram uma concentração média de $16,62 \pm 0,53 \mu\text{g/g}$ MF, com CV de 21,06%. Esses valores indicam diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *Cattleya intermedia* e poderão ser indicativos para estudos futuros de conservação, bem como para futuros programas de melhoramento visando a exploração comercial sustentável da espécie.

Palavras-chave: Conservação, Mata Atlântica, Orquídea nativa.

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE *Cyrtopodium caiaipoense* L.C. Menezes.

Kassia Maria Cruz Souza¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Paulo Eduardo Teodoro²; Dayane Bortoloto da Silva¹; Karina da Silva Souza¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: kassia.maria@unesp.br.

A espécie *Cyrtopodium caiaipoense* é uma orquídea terrestre, que ocorre em uma área de 16 km². Considerada “Vulnerável” pelo centro nacional pela conservação da Flora e União Internacional para Conservação da Natureza, não apresenta registro em unidades de conservação. Os registros disponíveis desta espécie encontram-se em ambientes que sofrem ameaças intensas, como urbanização, introdução de *Pinus* sp., fragmentação, agricultura, pecuária e mineração para extração de níquel, e, caso não seja realizada nenhuma ação de conservação, a espécie pode ser avaliada em uma categoria de maior risco em futuro próximo. Portanto, se fazem necessários estudos sobre essa espécie, principalmente em relação a sua fisiologia, propagação e conservação. Nesse sentido este trabalho objetivou determinar os teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de 17 acessos da espécie, obtidas via polinização aberta, mantidos em casa de vegetação no município de Três Lagoas – MS. As coletas foram realizadas na terceira folha completamente expandida do pseudobulbo desenvolvido no ano de 2020, pois após a floração esta espécie perde as folhas mantendo apenas os pseudobulbos até o próximo ciclo reprodutivo. Foram avaliados o teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. Para determinação dos pigmentos fotossintéticos foi utilizada a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Os dados estatísticos foram analisados por meio do software SISVAR. Os indivíduos de *C. caiaipoense* apresentaram teores médios de clorofila a de $91,91 \pm 4,30$ µg/g de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 19,30%. Para a clorofila b os indivíduos apresentaram teor médio de $72,94 \pm 2,78$ µg/g MF e CV de 15,73%. Considerando o teor médio de carotenóides nas folhas de *C. caiaipoense*, os indivíduos apresentaram uma concentração média de $24,89 \pm 1,10$ µg/g MF, com CV de 18,32%. Esses valores indicam diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *Cyrtopodium caiaipoense* e poderão ser indicativos para estudos futuros para conservação e para programas de melhoramento genético visando a exploração sustentável da espécie.

Palavras-chave: Conservação, Mata Atlântica, Orquídea nativa.

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



DIVERSIDADE DE VISITANTES FLORAIS E POLINIZADORES DO AÇAIZEIRO (*Euterpe oleracea* Mart.) E CAMUCAMUZEIRO (*Myrciaria dubia* H.B.K. [Mcvaugh]) EM BELÉM, PA

Anielle S. da Costa¹; Marcelo Kleiton A. Rodrigues²; Matheus C. Prazeres²; Emanuela S. do Nascimento¹; André Luís R. Barros²; Márcia M. Maués^{3*}

¹Universidade Federal Rural da Amazônia; ²Universidade do Estado do Pará; ³Embrapa Amazônia Oriental; *E-mail do autor apresentador: marcia.maués@embrapa.br

O bioma Amazônia é rico em diversidade de espécies frutíferas, e muitas destas dependem diretamente dos polinizadores para o sucesso reprodutivo. Foram identificados os insetos visitantes florais do açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) e camucamuzeiro (*Myrciaria dubia* H.B.K. [McVaugh]), verificando-se o compartilhamento de polinizadores entre estas duas frutíferas. O estudo foi desenvolvido na Coleção de Espécies Frutíferas da Embrapa Amazônia Oriental e Banco Ativo de Germoplasma do açaí BRS Pará, localizados em Belém, PA. A coleta dos visitantes florais e polinizadores foi feita durante o florescimento, imediatamente após a visita destas as flores, desde a antese até o período de senescência floral, em intervalos de 15 minutos de coleta e 15 minutos de observação, para determinar se o visitante floral era também polinizador. A identificação dos insetos foi realizada com apoio de chaves dicotômicas, comparação com exemplares da Coleção Entomológica da Embrapa Amazônia Oriental, e colaboração de taxonomistas do Museu Paraense Emílio Goeldi e da Universidade do Estado do Pará. A diversidade de visitantes florais nas culturas foi avaliada através do índice de Shannon-Wiener (H') e para determinar a similaridade entre os grupos de visitantes florais e polinizadores das duas espécies, foi utilizado o coeficiente de Jaccard (J). Foram coletados 1.121 insetos, pertencentes às ordens Hymenoptera (53,6%), Diptera (35,7%), Coleoptera (9%) e outras ordens (1,7%). 624 espécimes foram coletados no açaizeiro, distribuídos em 5 ordens; 25 famílias; 36 gêneros; 61 espécies e 28 morfoespécie. No camucamuzeiro, foram coletados 497 espécimes, distribuídos em 4 ordens; 11 famílias; 33 gêneros; 50 espécies e 4 morfoespécie. A área do açaizeiro, segundo o índice de Shannon-Wiener, apresentou maior riqueza e diversidade de visitantes florais ($H'=3,36$) em comparação com a área do camucamuzeiro ($H'=2,58$). A similaridade de polinizadores entre as duas áreas foi baixa ($J=0,16$), o que indica pouco compartilhamento de polinizadores entre o açaizeiro e camucamuzeiro. Foi constatado o compartilhamento de 19 espécies de polinizadores, sendo nove moscas, oito abelhas e duas vespas. Ambas espécies frutíferas atraem grande diversidade de visitantes florais, com destaque para a família Apidae, sendo as espécies do gênero *Trigona* as mais representativas em ambas culturas.

Palavras-chave: Polinização; Interações; Abelhas.

Agradecimentos: Embrapa (SEG 12.16.04.024.00.00)



RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM A ANTRACNOSE

Guilherme Weirich Krause¹; Yasmin Siega¹; Monalisa Cristina de Cól¹; Gustavo Walchinski¹; Daisson de Araújo¹; Volmir Kist¹.

¹Instituto Federal Catarinense – Campus Concórdia.

*guilhermeweirich11@gmail.com.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas de maior importância nutricional, econômica e cultural no Brasil. A cultura é tradicionalmente cultivada por agricultores familiares, a partir de sementes próprias, em pequenas áreas, sem grandes investimentos tecnológicos. Apesar da relativa facilidade existente em multiplicar populações de feijão, existe uma expressiva quantidade de doenças que podem comprometer a produção. A antracnose ocasionada pelo patógeno *Colletotrichum lindemuthianum* se destaca pela severidade, quando sementes contaminadas são cultivadas em ambientes com condições climáticas favoráveis. O controle do patógeno normalmente tem sido feito por meio de repetidas aplicações fúngicas, elevando consideravelmente o custo de produção. Sendo assim, o presente trabalho teve como objetivo identificar populações de feijão comum resistentes a antracnose. O experimento foi conduzido na área experimental do IFC – Concórdia, SC, na safra 2019/20. Foram avaliados 36 tratamentos, 34 variedades locais e 2 comerciais (testemunhas). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela foi constituída por 4 linhas de 5 m de comprimento. A inoculação da doença ocorreu de forma espontânea. A avaliação da severidade iniciou no estágio V4 e se estendeu até a senescência das folhas, em intervalos semanais. Foram atribuídas notas conforme a porcentagem de severidade da doença nas plantas da parcela útil. Com estes dados foi calculada a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). Os valores de AACPD foram submetidos a ANOVA e, em seguida, suas médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott ($p < 0,05$). Diferenças significativas foram verificadas entre os tratamentos para a variável AACPD. O teste de comparação de médias permitiu separar as populações em três grupos, sendo 22 variedades classificadas como resistentes, 10 variedades classificadas com resistência moderada e 4 variedades como suscetíveis a antracnose. O estudo demonstrou que existe variabilidade genética quanto a resistência a antracnose entre as variedades de feijão comum conservadas e manejadas pelos agricultores familiares da região de Concórdia (SC). O estudo permitiu identificar populações com grau superior de resistência ao patógeno.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; *Colletotrichum lindemuthianum*; Agricultura familiar.

Agradecimentos: Ao Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia pela concessão de bolsa de estudo.



IDENTIFICAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO RESISTENTES A MANCHA BRANCA

Guilherme Weirich Krause^{1*}, Monalisa Cristina de Cól¹, Yasmin Pincegher Siega¹, Gabriela Bárbara da Silva Milani¹, Talita Durante Bosetti¹, Volmir Kist²

¹Instituto Federal Catarinense – Campus Concórdia.

*guilhermeweirich11@gmail.com

A mancha branca é uma doença foliar da cultura do milho (*Zea mays*), causada pela bactéria *Pantoea ananatis* Paccola-Meirelles et al., apresenta elevada incidência e severidade o que, conseqüentemente, promove perdas de produtividade de até 60% em hospedeiros suscetíveis, principalmente em plantios de segunda safra devido a temperatura moderada e alta umidade relativa, o que favorece seu desenvolvimento. O uso de variedades resistentes é uma das principais medidas de controle da mancha branca no milho, por ser mais viável, seguro e de baixo impacto ambiental. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi avaliar populações locais de milho quanto a resistência à mancha branca. Na safrinha de 2019/20, no município de Concórdia - SC, foi implantado um experimento constituído de 12 tratamentos, sendo 10 variedades locais e 2 comerciais (testemunha). O experimento foi conduzido em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram de 4 linhas com 5 m de comprimento. A inoculação da doença ocorreu de forma espontânea, e a avaliação da severidade iniciou com o surgimento dos primeiros sintomas. A severidade da mancha branca foi avaliada com a atribuição de notas com base na escala diagramática elaborada pela EMBRAPA. A partir das notas de severidade foi obtida a variável área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os dados foram submetidos a análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott ($p < 0,05$). A análise de variância revelou que existe diferença significativa entre os tratamentos para a variável AACPD ($p < 0,05$). Através do teste de Scott-Knott foi possível observar que existem três grupos distintos quanto o grau de resistência à doença. As variedades de milho 9 e 4 (31,8 a 37,5) foram consideradas resistentes, os tratamentos 12, 10, 1, 2, 5 e 8 (42,2 a 46,5) foram caracterizados com resistência intermediária, enquanto as variedades 6, 7, 3 e 11 (57,8 a 65,3) foram consideradas suscetíveis. Contudo, a média de AACPD encontrada nesse estudo foi considerada baixa. Concluiu-se que existe variabilidade genética entre os tratamentos para a resistência a mancha branca, sendo os tratamentos 9 e 4 com maior grau de resistência ao patógeno.

Palavras-chave: *Pantoea ananatis*; *Zea mays*; agricultura familiar.



Polimorfismo em descritores morfológicos do algodão nativo brasileiro, *Gossypium mustelinum*.

Beatriz Mariano Serrano¹; Nátaly Duarte Lopes da Costa^{1*}; Kálita Cristina Moreira Cardoso²; Lucia Vieira Hoffmann³

¹Embrapa/CNPq/UFG. ²PUC-GO. ³Embrapa Algodão. *natalydolopes96@gmail.com.

O *Gossypium mustelinum*, algodão nativo brasileiro, é uma espécie de algodoeiro selvagem, alotetraploide, arbórea, endêmica do nordeste do Brasil. Para caracterizar a variabilidade morfológica da espécie, sementes de 83 plantas, coletadas com pontos georreferenciados, foram avaliados em um plantio ex-situ, em casa telada, em Santo Antônio de Goiás. Adicionalmente, folhas de 29 plantas da casa telada foram coletadas para contagem e posterior comparação da densidade de tricomas. As populações de origem foram definidas pela localização do local de coleta, sendo i) litoral da Paraíba e Pernambuco, ii) Rio Grande do Norte (município de Caicó) e duas regiões da Bahia, sendo iii) Macururé e Jaguarari e iv) bacia do Rio Tocó. Para a contagem dos tricomas foi delimitado um círculo de 1,30 centímetros de diâmetro em uma folha de cada genótipo e observados em lupa, contando-se os tricomas da face adaxial e abaxial separadamente. Observaram-se também os seguintes descritores: tamanho e número de lóbulos das folhas (as folhas são pequenas com três lóbulos), coloração da folha, pecíolo e caule (sempre verdes), cor da corola, imbricação das pétalas, onde não houve polimorfismo. Existe variabilidade para pilosidade do caule e da folha, formato das folhas, presença de nectários na nervura central das folhas e brácteas (base e interno), pilosidade das folhas, largura das brácteas e número e comprimento de dentes das brácteas e mancha nas pétalas (que podem ser fracas, médias ou fortes, apenas um genótipo, BA04 41, apresentou ausência de mancha nas pétalas). As folhas das plantas advindas da Bahia se apresentaram mais pilosas que as das plantas do Litoral e Rio Grande do Norte, segundo o teste *F*, em ambas as comparações face adaxial ($p=0,0001$) e face abaxial ($p=0,0000$). As médias de tricomas por folha foram, para faces adaxial e abaxial, respectivamente: Litoral (111 e 280); Rio Grande do Norte (100 e 183); região de Macururé (370 e 499); e Bacia do Rio Tocó (310 e 557). A utilização de bons descritores morfológicos traz a possibilidade de diferenciação de populações de uma mesma espécie, no caso da pilosidade das folhas de *Gossypium mustelinum* é possível observar polimorfismo, onde são encontradas folhas com maior quantidade de tricomas, ou seja, mais pilosas, em plantas encontradas na Bahia, quando comparadas às demais populações analisadas. Outros descritores polimórficos não se relacionaram às populações.

Palavras-chave: *Gossypium mustelinum*; descritores morfológicos; pilosidade.

Agradecimentos:

A Embrapa/CNPq pelas bolsas ITI e DTI.



TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM *Talisia esculenta* Radlk.

Leonardo Henrique Pereira de Brito^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Enes Furlani Junior¹; Dayane Bortoloto da Silva¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva¹; Kassia Maria Cruz Souza¹; Karina da Silva Souza¹; Helena Maryko Fujii¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. *E-mail: leonardo.p.brito@unesp.br

Atualmente as frutíferas nativas dos biomas brasileiros vem sofrendo com aumento do desmatamento para dar espaço à agropecuária extensiva, acarretando riscos de extinção de diversas espécies tropicais não-tradicionais ainda pouco exploradas. A pitombeira (*Talisia esculenta* Radlk – Sapindaceae), além de ser fonte de alimento para a fauna, pois trata-se de uma espécie de interior de matas primárias, Mata Atlântica, Floresta Amazônica ou formações secundárias de Cerrado, pode ser cultivada como fonte de renda para pequenos produtores. Extratos dessa planta vem sendo pesquisados como inseticida natural, além de trabalhos citando sua capacidade antifúngica, anti-inflamatória, antioxidante, antiproliferativa e anti-mutagênica, com possibilidade de aplicação como antioxidante natural para suplementos e ingrediente funcional para produtos alimentícios. Apresentando grande interesse científico, principalmente no que tange a caracterização e conservação *in situ* e *ex situ* de germoplasma. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivo avaliar indivíduos de *Talisia esculenta* quanto aos teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas. As mudas foram produzidas a partir de sementes, mantidas em casa de vegetação no município de Ilha Solteira – SP. As coletas foram realizadas em 48 acessos, a partir do ápice caulinar da terceira folha completamente expandida. Foram avaliados os teores de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada a estatística descritiva por meio do software SISVAR. Os acessos apresentaram teor médio de clorofila a $128,62 \pm 32,72$ µg/g de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 32,72%. Para a clorofila b constatou-se uma concentração média de $106,60 \pm 4,49$ µg/g de MF, com CV de 29,18%. O teor médio de carotenóides nos tecidos foliares de indivíduos de *Talisia esculenta* foi de $38,72 \pm 1,47$ µg/g de MF e CV de 26,38%. Esses resultados apontam para uma grande variação quanto ao teor clorofila a, clorofila b e carotenóides nas folhas de *Talisia esculenta*, podendo servir de subsídio para futuros programas de melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: Fruteiras; Melhoramento genético; Pitomba.

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



TEORES FOLIARES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM *Plinia edulis*

Leonardo Henrique Pereira de Brito^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva¹; Cíntia Patrícia Martins de Oliveira¹; Dayane Bortoloto da Silva¹; Kassia Maria Cruz Souza¹; Karina da Silva Souza¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. *E-mail: Leonardo.p.brito@unesp.br

Plinia edulis (Myrtaceae) popularmente conhecida como “cambucá” é uma espécie endêmica da Mata Atlântica, comumente empregada no tratamento de doenças inflamatórias, diarreia, bronquite, diabetes e também como tônico, antipirético e diurético. O principal interesse dos estudos com esta espécie é para elucidar os componentes envolvidos na anti-inflamatórias e analgésicas, uma vez que esses efeitos podem estar relacionados aos metabólitos secundários identificados nesta espécie. A síntese de metabólitos secundários ocorre através de compostos químicos resultantes dos processos da fotossíntese, glicólise e ciclo de Krebs. O complexo da antena constituído por diferentes pigmentos, os quais incluem-se as clorofilas, os carotenos, os flavonoides e as betalaínas, é extremamente importante para tornar a fotossíntese um processo energeticamente produtivo. Dessa forma, apesar da importância dos metabólitos secundários para a saúde humana, inexistem pesquisas sobre estimativas de parâmetros genéticos através do comportamento fisiológico dessa espécie, como forma de subsidiar o melhoramento que até o presente momento é incipiente. Nesse contexto, este estudo objetivou caracterizar indivíduos de *Plinia edulis* baseados nos teores de pigmentos fotossintéticos das folhas. Utilizou-se folhas obtidas de mudas cultivadas em casa de vegetação de 13 indivíduos. As coletas foram realizadas na terceira folha completamente expandida a partir do ápice caulinar. As variáveis avaliadas foram o teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides foliares. A determinação de pigmentos fotossintetizantes seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Os dados foram analisados no software SISVAR. Os teores médios de clorofila ‘a’ de indivíduos de *Plinia edulis* foi de $97,09 \pm 8,75 \mu\text{g/g}$ de massa fresca de folhas (MFF), com coeficiente de variação (CV) de 38,26. Para a clorofila ‘b’ os indivíduos apresentaram teor médio de $66,90 \pm 4,61 \mu\text{g/g}$ MFF, com CV 29,28%. Enquanto para o teor de carotenóides, a concentração média foi de $34,80 \pm 2,16 \mu\text{g/g}$ MFF, com CV 26,39%. Há diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintetizantes foliares de *Plinia edulis*, podendo ser indicativo de seleção em futuros programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Cambucá; Clorofila; Carotenóides.

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



TEORES DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM ESPÉCIES DE ORQUÍDEAS DO GÊNERO *Dendrobium* Sw.

Douglas Garrio Carfane^{1*}; Dayane Bortoloto da Silva^{1*}; Arlindo Ananias Pereira da Silva¹; Paulo Eduardo Teodoro²; Glaucia Amorim Faria¹; Kassia Maria Cruz Souza¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Enes Furlani Junior¹;

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: douglas.carfane@unesp.br.

Dendrobium Sw. é o segundo maior gênero da família Orchidaceae. Ele contém aproximadamente 1100 espécies que estão distribuídas principalmente nas regiões subtropicais e tropicais da Ásia e Oceania. Muitas espécies pertencentes a esse gênero são cultivadas como plantas ornamentais e algumas são importantes na indústria floral. Com o propósito de se estudar essa espécie, bem como conhecer a variabilidade entre as espécies pertencentes ao gênero *Dendrobium*, este trabalho teve como objetivo determinar os teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de 29 acessos obtidas via polinização aberta, de *D. loddigesii* Rolfe, *D. nobile* Lindl., *D. terminale* E.C.Parish & Rchb.f., *D. aggregatum* Lindl. e *D. chrysotoxum* Lindl., mantidos em casa de vegetação no município de Três Lagoas – MS. As coletas foram realizadas na terceira folha completamente expandida do último pseudobulbo desenvolvido no ano de 2019 dos 29 indivíduos. As características avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia desenvolvida por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada análise de variância, e teste F, e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade utilizando o software SISVAR. As espécies de *Dendrobium* foram diferentes estatisticamente a 1% de probabilidade para clorofila a, com coeficiente de variação (CV) de 8,17%, clorofila b, com CV de 9,33% e carotenóides, com CV de 7,06%. A espécie *D. aggregatum* foi a que apresentou maiores teores de clorofila a, clorofila b e carotenóides, 78,07 µg/g de massa fresca de folhas (MF), 51,86 µg/g MF e 16,71 µg/g MF, respectivamente, diferindo estatisticamente das demais. Para *D. loddigesii* verificou-se concentrações médias de clorofila a de 49,53 µg/g MF, clorofila b de 47,02 µg/g MF e carotenóides de 15,26 µg/g MF, diferindo significativamente das demais. As espécies *D. nobile* e *D. terminale* não diferiram estatisticamente entre si quanto ao teor de clorofila a nas folhas, apresentando 34,74 e 32,09 µg/g MF respectivamente e para o teor de clorofila b, de 35,27 e 34,78 µg/g MF, porém foram significativamente diferentes das demais. *D. Chrysotoxum* apresentou os menores valores de clorofila a e b, 24,88 e 26,99 µg/g MF. A concentração de carotenóides para as espécies *D. terminale*, *D. Chrysotoxum* e *D. nobile* não teve diferença estatística entre si, com 8,18, 7,71 e 7,23 µg/g MF respectivamente. Esses valores indicam diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas dessas espécies, podendo ser indicativos para estudos futuros em programas de melhoramento.

Palavras-chave: Melhoramento; Orquídea olho-de-boneca; Potencial ornamental.

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE *Catasetum fimbriatum* (C.Morren) Lindl.

Dayane Bortoloto da Silva^{1*}; Kassia Maria Cruz Souza¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Paulo Eduardo Teodoro²; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Douglas Garrio Carfane¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: dayane.bortoloto@unesp.br.

O Brasil possui muitas espécies de orquídeas endêmicas, entre elas *Catasetum fimbriatum* (C.Morren) Lindl. Esta espécie é comum em áreas abertas do cerrado, despertando muita curiosidade entre os botânicos, devido ao seu trimorfismo sexual. Além disso, apresenta grande importância decorativa, e facilidade de hibridização, o que gera plantas com flores de grande valor ornamental. Algumas espécies também apresentam potencial medicinal e são usadas na indústria cosmética. Visto que sua importância vai além da ecológica, o estudo e caracterização dessa espécie pode auxiliar a estabelecer protocolos de melhoramento genético de plantas ornamentais pertencentes ao mesmo gênero. Afim de se estudar essa espécie, bem como conhecer a variabilidade entre acessos, este trabalho teve como objetivo determinar os teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de 12 acessos obtidas via polinização aberta, mantidos em casa de vegetação no município de Três Lagoas – MS. As coletas foram realizadas na folha completamente expandida do terceiro pseudobulbo a partir do meristema caulinar dos 12 indivíduos. As características avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada a estatística descritiva, por meio do software SISVAR. Os indivíduos de *C. fimbriatum* apresentaram teores médios de clorofila a de $196,04 \pm 19,34 \mu\text{g/g}$ de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 55,38%. Para a clorofila b os indivíduos apresentaram teor médio de $139,25 \pm 15,74 \mu\text{g/g}$ MF e CV de 55,36%. Para teor médio de carotenóides nas folhas, os indivíduos apresentaram uma concentração média de $52,87 \pm 4,76 \mu\text{g/g}$ MF, com CV de 44,07%. Esses valores indicam uma alta variação na diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *C. fimbriatum* e poderão ser indicativos para estudos futuros de conservação, e também para futuros programas de melhoramento visando a exploração comercial sustentável da espécie.

Palavras-chave: Crquídeas; Clorofila; Carotenóides.

Agradecimentos: PPGA – Programa de Pós-graduação em Agronomia, Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE *Epidendrum fulgens* Brongn.

Douglas Garrio Carfane^{1*}; Kassia Maria Cruz Souza¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Paulo Eduardo Teodoro²; Dayane Bortoloto da Silva¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: douglas.carfane@unesp.br.

O gênero *Epidendrum* possui cerca de 1.500 espécies e apresenta distribuição neotropical. Dentre essa grande diversidade, a espécie *Epidendrum fulgens* Brongn., conhecida como orquídea-da-praia, é terrestre e nativa de ecossistemas costeiros do Brasil, além disso é epífita, rupícola e terrestre, por isso é considerada uma planta com ampla plasticidade. É uma orquídea não explorada com grande potencial ornamental por conta de seu florescimento de longa duração. Visto que essas plantas possuem grande importância ecológica por seu potencial bioindicador e decorativo, é essencial sua caracterização e estudo a fim de utilizá-la na manutenção do equilíbrio ecológico e melhoramento genético para fim ornamental. No sentido de se estudar essa espécie, bem como conhecer a variabilidade entre acessos, este trabalho teve como objetivo determinar os teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de 13 acessos obtidas via polinização aberta, mantidos em casa de vegetação no município de Três Lagoas – MS. As coletas foram realizadas na folha completamente expandida do terceiro pseudobulbo a partir do meristema caulinar dos 43 indivíduos. As características avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada a estatística descritiva, por meio do software SISVAR. Os indivíduos de *E. fulgens* apresentaram teores médios de clorofila a de $210,91 \pm 21,45 \mu\text{g/g}$ de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 36,67%. Para a clorofila b os indivíduos apresentaram teor médio de $221,22 \pm 17,24 \mu\text{g/g}$ MF e CV de 30,89%. Para teor médio de carotenóides nas folhas, os indivíduos apresentaram uma concentração média de $47,65 \pm 2,69 \mu\text{g/g}$ MF, com CV de 20,34%. Esses valores indicam diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *E. fulgens* e poderão ser indicativos para estudos futuros de conservação e como bioindicadoras, bem como para futuros programas de melhoramento visando a exploração comercial sustentável da espécie.

Palavras-chave: Conservação; Orquídea terrestre; Potencial ornamental

Agradecimentos: Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



DESENVOLVIMENTO INICIAL DE CULTIVARES DE CANA-DE-AÇÚCAR SOB INFLUÊNCIA DE BIOESTIMULANTE

Maisa Silva Menezes¹; João Pedro Ferreira Santos²; Gabriel Miranda Rios Accioly³; Edwin Thawan Andrade Prado⁴; Vanderson dos Santos Pinto⁵

¹Universidade Federal de Sergipe*E-mail: maisa.menezes.xd@outlook.com

A cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*) é uma cultura com grande importância econômica mundial, sendo a base para o setor sucroalcooleiro. No Brasil, este setor representa uma relevante fatia do PIB do agronegócio sendo essencial para o desenvolvimento e recuperação econômica do país pós-pandemia. Com uma frequente e exponencial demanda por alta produtividade, torna-se necessário o uso de novas tecnologias e práticas que respondam a alta demanda. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento inicial das cultivares RB86-7515 e SP79-1011 sob a aplicação do bioestimulante a base de extratos fermentados Soil-plex active em dose comercial recomendada. O experimento foi implantado no espaço de vivência agroecológico da Universidade Federal de Sergipe, com solo de textura arenosa (Neossolo quartzarênico) em canteiros de 200 m². As adubações químicas (fundação (NPK) e cobertura (Ureia)) foram feitas a partir da necessidade aferida na análise de solo realizada anteriormente. A irrigação e manejo de plantas infestantes foram feitas manualmente. Não houveram problemas com pragas e doenças, assim não se fez necessário o uso de agroquímicos. As variáveis coletadas foram altura da planta, número de folhas, diâmetro do colmo, comprimento do internódio, comprimento e largura da folha e área foliar. Os dados foram submetidos a análise de variância e comparados pelo teste de tukey ($p \geq 0,05$) com auxílio do software SISVAR. Assim, foi possível observar que na testemunha o desempenho da cultivar RB86-7515 foi superior nas variáveis diâmetro do colmo e comprimento do internódio, não apresentando diferença significativa nas demais variáveis. Avaliando o uso do bioestimulante, podemos destacar que houve melhoria em todas as variáveis, principalmente na área foliar, muito importante para fotossíntese, desenvolvimento e produção da planta. Não havendo diferença significativa entre as cultivares com o uso do bioestimulante. Dado o exposto, a aplicação de bioestimulante a base de extratos fermentados melhorou consideravelmente o desenvolvimento inicial das cultivares RB86-7515 e SP79-1011 de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: *Saccharum officinarum*; morfometria; extrato fermentado.

Agradecimentos: Universidade Federal de Sergipe, Campus Rural, Alltech, Coagro, Usina Pinheiro, Associação dos produtores de cana-de-açúcar do estado de Sergipe e ao Laboratório ECOPOC.



CONCENTRAÇÃO DE PIGMENTOS FOTOSSINTÉTICOS EM FOLHAS DE *Cyrtopodium saintlegerianum* Rchb. f.

Dayane Bortoloto da Silva^{1*}; Glaucia Amorim Faria¹; Paulo Eduardo Teodoro²; Kassia Maria Cruz Souza¹; Arlindo Ananias Pereira da Silva^{1*}; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Enes Furlani Junior¹; Douglas Garrio Carfane¹;

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: dayane.bortoloto@unesp.br.

Cyrtopodium é um gênero neotropical de orquídeas, no Brasil é encontrado em diversos biomas, sendo que seu principal ponto de diversidade é o Cerrado. Dentre as espécies desse gênero, destaca-se a espécie *Cyrtopodium saintlegerianum* Rchb. f., uma espécie epífita encontrada principalmente no estado de Mato Grosso. É muito comum a avaliação de caracteres dessa espécie, já que a mesma possui grande potencial ornamental. O uso de espécies nativas para tal fim, pode contribuir para a preservação da flora local, além de evidenciar identidades regionais. À vista disso, é nítida a importância da caracterização dessa espécie para programas de melhoramento genético e desenvolvimento de novos cultivares com características florais desejáveis. Com a finalidade de se estudar essa espécie, bem como conhecer a variabilidade entre acessos, este trabalho teve como objetivo determinar os teores de pigmentos fotossintéticos nas folhas de dez acessos obtidas via polinização aberta, mantidos em casa de vegetação no município de Três Lagoas – MS. As coletas foram realizadas na folha completamente expandida do terceiro pseudobulbo a partir do meristema caulinar de dez indivíduos. As características avaliadas foram: teor de clorofila a, clorofila b e carotenóides das folhas. A determinação de pigmentos fotossintéticos seguiu a metodologia proposta por Lichtenthaler (1987), em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando acetona 80%. Após a obtenção dos dados foi realizada a estatística descritiva, por meio do software SISVAR. Os acessos de *C. saintlegerianum* apresentaram teores médios de clorofila a de $281,21 \pm 13,70 \mu\text{g/g}$ de massa fresca de folhas (MF), com coeficiente de variação (CV) de 36,67%. Para a clorofila b os indivíduos apresentaram teor médio de $210,58 \pm 10,50 \mu\text{g/g}$ MF e CV de 15,77%. Para teor médio de carotenóides nas folhas, os indivíduos apresentaram uma concentração média de $74,55 \pm 3,50 \mu\text{g/g}$ MF, com CV de 14,83%. Esses valores indicam diversidade quanto ao teor de pigmentos fotossintéticos nas folhas de *C. saintlegerianum* e poderão ser indicativos para estudos futuros de conservação, bem como para futuros programas de melhoramento visando a exploração comercial sustentável da espécie.

Palavras-chave: carotenóides; clorofila; cerrado.

Agradecimentos: PPGA – Programa de Pós-graduação em Agronomia, Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



STATUS DE CONSERVAÇÃO IN-SITU DE BACURIZEIROS (*PLATONIA INSIGNIS* MART.) EM MORROS, MARANHÃO

Thailson de Jesus Santos Silva¹; Jonas Alves Mesquita²; Gabriel Garcês Santos²; Luana Correa Silva³; Edyane Moraes dos Santos³; José de Ribamar Silva Barros^{3*}

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. ³Universidade Estadual do Maranhão. ³Universidade Federal de São Carlos. ^{3*}Universidade Estadual do Maranhão. *thailsonss02@gmail.com.

O bacurizeiro é uma espécie frutífera originária da Amazônia. Ocorre em matas de terra firme e de vegetação aberta de transição, em áreas descampadas ou de vegetação baixa, sendo rara sua ocorrência em florestas primárias densas. Desenvolve-se em regiões de clima úmido e semi-úmido e, também em regiões de cerrado e cerradão. No Maranhão, ocorre em áreas de intensa atividade agrícola, onde desmatamentos e queimadas são comuns com o avanço do agronegócio no estado. Logo este trabalho teve por objetivo realizar levantamentos de populações naturais de bacurizeiros, *Platonia insignis* Mart., no município de Morros, Maranhão, e avaliar os status de conservação da área. Na coleta de material biológico, cada indivíduo coletado foi georreferenciado por GPS Garmim Etrex. Os pontos de coleta, 30 ao todo, serviram de referência para o mapeamento e análise da composição da paisagem, uso e ocupação da terra. O mapeamento foi realizado utilizando o Software Quantum Gis e seu complemento Open Layer. A escala de mapeamento foi estabelecida em 1:2.500 definida diretamente no QGIS. Foram mapeadas 83 hectares, onde foram definidos 10 classes de uso e ocupação da terra. Observamos que a classe de maior ocorrência foi de vegetação secundária (38,2%), seguida pela vegetação avançada em ótimo estado de conservação (27,5%), podendo estar relacionado ao fato de o município ter como principal foco produtivo o turismo. Após estas classes de uso e ocupação da terra, veio a de vegetação pioneira ou inicial ocupando 14,6% da área amostrada. A área ocupada por bacurizeiros foi de 3,5%, estando um pouco abaixo do que já foi relatado para esta espécie na literatura. A espécie foi verificada mais concentrada nas margens do rio no município de Morros, o que é incomum para o relatado sobre bacurizeiros. As classes menos representativas foram solo exposto e área ocupada com agricultura, com 0,8 e 0,5% respectivamente, da área amostrada. Verifica-se, portanto, que a área estudada apresenta um bom status de conservação, mesmo com baixa densidade de bacurizeiros. Porém, com o interesse por sua madeira crescendo e com o avanço do agronegócio na Bacia do Munim onde está localizado o município de Morros, medidas de conservação mais rigorosas precisam ser tomadas.

Palavras-chave: Queimadas; Classes; Conservação.

Agradecimentos: Ao Laboratório de Genética e Biologia Molecular – LABWICK e a Universidade Estadual do Maranhão.



DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS PARA A CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE ERVA-CIDREIRA-BRASILEIRA

Janaína Gonçalves Gomes^{1*}; Pedro Corrêa Damasceno Júnior²; Carlos Henrique Nascimento Soares²; Poliana Lopes Siqueira¹

¹ Universidade Vale do Rio Doce. ² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. *gomesjg13@gmail.com

A erva-cidreira-brasileira (*Lippia alba*) é considerada promissora para as indústrias farmacêutica, de aromas e perfumaria, além de existirem indicações de possíveis aplicações em indústrias de defensivos agrícolas. O conhecimento acerca da sua diversidade genética ainda se mostra incipiente e não existe uma lista oficial de descritores gerais ou mínimos disponíveis para uso. Dessa forma, torna-se limitada a comunicação e o cruzamento de dados entre as diferentes pesquisas com a espécie, bem como a seleção de genótipos superiores em coleções de germoplasma. Diante disso, objetivou-se propor uma lista de descritores para erva-cidreira-brasileira, assim como indicar os descritores mais importantes para o estudo da diversidade da espécie com base na aplicação de métodos de análise multivariada. Os dados foram coletados em 40 acessos da Coleção de germoplasma de erva-cidreira-brasileira do DFITO/IA/UFRRJ. Foram definidas 41 variáveis que inicialmente foram categorizadas de acordo com a parte da planta a que se referem (copa, ramos, folhas, flores e frutos) ou como relacionadas à produção e, baseando-se nessa divisão, os descritores foram classificados em descritores 24 quantitativos e 17 qualitativos. A identificação dos descritores quantitativos mais discriminativos foi realizada por meio da análise de componentes principais e do diagnóstico de multicolinearidade. Verificou-se que 5 variáveis qualitativas foram consideradas mais importantes na avaliação da diversidade genética. Observou-se que das variáveis quantitativas, 22 diferiram entre os acessos. A análise de componentes principais possibilitou a identificação de 15 descritores passíveis de descarte, reduzindo o conjunto original para 7 variáveis quantitativas discriminatórias e o descritor rendimento de óleo essencial foi mantido por ser considerado de interesse agrônomo para o melhoramento da espécie. Dessa forma, os descritores mais importantes para a discriminação da diversidade genética foram: hábito de crescimento da planta, coloração de folhas jovens, coloração de folhas maduras; coloração de pecíolo, coloração da corola, número de ramos a 20cm do solo, comprimento médio do ramo, comprimento do entrenó, largura do limbo foliar, comprimento da inflorescência, peso de ramos, biomassa fresca, rendimento de óleo essencial. O desenvolvimento da lista preliminar de descritores para a erva-cidreira-brasileira contribuiu para a identificação de marcadores morfoagronômicos com potencial para a discriminação da diversidade genética da coleção de germoplasma em estudo.

Palavras-chave: *Lippia alba*; componentes principais; multicolinearidade.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



USO DE ENRAIZADOR A BASE DE ALGAS EM CULTIVARES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Maisa Silva Menezes¹; João Pedro Ferreira Santos²; Gabriel Miranda Rios Accioly³; Edwin Thawan Andrade Prado⁴; Vanderson dos Santos Pinto⁵

¹Universidade Federal de Sergipe*E-mail: maisa.menezes.xd@outlook.com

A cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*) é uma das principais culturas agrícolas explorada no Brasil, sendo pioneira. Estando relacionada intimamente com a história do país e gerando cifras substanciais desde o processo de colonização. Essa cultura pode ser explorada de diversas formas, no entanto, as mais habituais são na produção de açúcar e álcool (setor sucroalcooleiro). No Brasil, este setor representa uma relevante fatia do PIB do agronegócio sendo essencial para o desenvolvimento e recuperação econômica do país pós-pandemia. Com uma frequente e exponencial demanda por alta produtividade, torna-se necessário o uso de novas tecnologias e práticas que respondam a alta demanda. Dito isto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento inicial das cultivares RB86-7515 e SP79-1011 sob a aplicação do bioestimulante Ouro Garden, enraizador a base de extrato de algas, em dose comercial recomendada. O experimento foi implantado no espaço de vivência agroecológica da Universidade Federal de Sergipe, com solo de textura arenosa (Neossolo quartzarênico) em canteiros de 200 m². As adubações químicas (fundação (NPK) e cobertura (Ureia)) foram feitas a partir da necessidade aferida na análise de solo realizada anteriormente. A irrigação e manejo de plantas infestantes foram feitas manualmente. Não houveram problemas com pragas e doenças, assim não se fez necessário o uso de agroquímicos. As variáveis coletadas foram: Altura de planta, número de folhas, diâmetro do colmo, comprimento do internódio, comprimento de folha, largura de folha e área foliar. Os dados foram submetidos à análise de variância e comparados pelo teste de tukey ($p \geq 0,05$) com auxílio do software SISVAR. Assim, foi possível observar que o enraizador Ouro garden apresentou desempenho superior nas variáveis comprimento do internódio e área foliar, não apresentando diferença significativa nas demais variáveis. A aplicação do enraizador se apresentou como um bom incremento alternativo no desenvolvimento vegetativo da cana-de-açúcar e consequente relação na produtividade.

Palavras-chave: *Saccharum officinarum*; morfometria; extrato algas.

Agradecimentos: Universidade Federal de Sergipe, Campus Rural, Alltech, Coagro, Usina Pinheiro, Associação dos produtores de cana-de-açúcar do estado de Sergipe e ao Laboratório ECOPOC.



DIVERSIDADE GENÉTICA EM ERVA-CIDREIRA-BRASILEIRA BASEADA EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS

Janaína Gonçalves Gomes^{1*}; Pedro Corrêa Damasceno Júnior²; Marco André Alves de Souza²; Carlos Henrique Nascimento Soares²; Ryan Vagner Camargos Pimenta¹

¹ Universidade Vale do Rio Doce. ² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. *gomesjg13@gmail.com

A erva-cidreira-brasileira possui múltiplas propriedades medicinais e aromáticas. O rico potencial farmacológico da espécie está relacionado à ampla variabilidade química de seu óleo essencial. A caracterização morfoagronômica de acessos dessa espécie é de grande importância para identificação de acessos promissores de acordo com características como rendimento do óleo essencial e produção de biomassa. Entretanto, um subsídio fundamental para os programas de melhoramento reside na existência de variabilidade genética. Diante disso, este trabalho teve por finalidade conhecer a diversidade genética dos acessos mantidos na Coleção de germoplasma de erva-cidreira-brasileira da UFRRJ, por meio de descritores morfoagronômicos, caracterizando e quantificando a diversidade genética existente entre os acessos e indicando possíveis cruzamentos. Foram considerados 39 acessos da coleção citada, todos com a origem geográfica (Minas Gerais e Rio de Janeiro) determinada e previamente caracterizados quanto à composição química do seu óleo essencial via cromatografia gasosa. Realizou-se as seguintes análises: variáveis canônicas (VC), distância generalizada de Mahalanobis, análise de agrupamento usando o algoritmo UPGMA e método de otimização proposto por Tocher. O número ótimo de grupos no dendrograma foi estimado por meio da técnica *Kelley-Gardner-Sutcliffe* e a adequação dos agrupamentos foi testada por meio do cálculo da correlação cofenética. As similaridades entre e dentro das origens geográficas foram estimadas via algoritmo ANOSIM. As variáveis avaliadas foram: número de ramos a 20cm, comprimento médio do ramo, comprimento médio do entrenó, largura média do limbo foliar, comprimento médio da inflorescência, biomassa fresca, peso de ramos e rendimento de óleo essencial. Foi observada uma proximidade entre os resultados encontrados para análise de VC, UPGMA e Tocher, o que indica que há um padrão que tende a se manter quanto ao agrupamento desses acessos, sendo as variáveis rendimento do óleo essencial e a largura do limbo foliar as maiores responsáveis pelos resultados observados. Considerou-se que a origem geográfica também foi determinante para disposição dos agrupamentos gerados. De acordo com as metodologias aplicadas considera-se que há considerável diversidade genética para os caracteres avaliados nos acessos de *L. alba* da Coleção de germoplasma da UFRRJ e alguns acessos do quimiótipo carvona-limoneno e do quimiótipo citral, foram considerados com grande potencial para serem utilizados em programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: *Lippia alba*; Variáveis canônicas; UPGMA.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



IDENTIFICAÇÃO DE MICROSSATÉLITES E SÍNTESE DE PRIMERS PARA DUAS ESPÉCIES FLORESTAIS NATIVAS A PARTIR DE PROGRAMAS DE BIOINFORMÁTICA

Larissa Lührs¹; Valderês Aparecida de Sousa²; Bruno César Rossini³; Daiane Rigoni⁴; Marianne Bernardes⁵; Ananda Virginia de Aguiar⁶

¹Bolsista na Embrapa Florestas – larissaluhres@hotmail.com; ²Pesquisadora na Embrapa Florestas; ³Docente da UNESP/Botucatu; ⁴Analista do Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Florestas; ⁵Assistente do Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Florestas; ⁶Pesquisadora na Embrapa Florestas

A primeira espécie, *Apuleia leiocarpa* (Vogel) JF Macbr., popularmente conhecida como “garapa”, nativa da Mata Atlântica, apresenta alto valor econômico, principalmente pela madeira de alta qualidade. Ocorre em todas as regiões do Brasil. Atualmente, devido à devastação das florestas nativas e o extrativismo descontrolado, faz-se necessário o monitoramento populacional. A mesma situação também afeta a segunda espécie, *Andira fraxinifolia* Benth., ou “angelim”, apesar de ter distribuição mais restrita no Brasil. Apesar de essas duas plantas serem de importância comercial e cultural, existem raros registros sobre o estudo genético dessas espécies. Nesse contexto, os microssatélites (SSRs) são estruturas do DNA verificadas em diversos gêneros vegetais, cada vez mais utilizados na caracterização genética por possuírem características que os tornam ótimos marcadores moleculares. Tendo em vista que essa ferramenta é capaz de revelar polimorfismos entre indivíduos geneticamente relacionados e, que beneficia principalmente estudos populacionais, o presente estudo objetivou gerar primers de SSRs para ambas as espécies a partir do sequenciamento do genoma. Sendo assim, o sequenciamento foi realizado a partir de 1 ng de amostra de DNA para construir bibliotecas genômicas pelo sistema MiSeq (Illumina) e apresentou 9.473.428 leituras para *A. leiocarpa* e 7.201.486 para *A. fraxinifolia*. No total, a montagem do genoma gerou 118.490 e 89.622 contigs com N50 igual a 1.457 e 1.107 pb. No programa PERF foram analisadas todas as sequências do arquivo fasta de entrada, totalizando 64.456 e 18.300 ocorrências repetidas de 7, 6, 5, 4 e 4 motifs repetidos (di a hexanucleotídeos). A quantidade do dinucleotídeo GC correspondeu a 36.7 e 38.1% do total. Os microssatélites mais abundantes foram compostos por adenina, em ambas as espécies. Assim, associando os resultados dos dois programas citados, pares de primers flanqueando os microssatélites foram desenhados no Primer3Plus para 18 marcadores de cada espécie. Alguns parâmetros especificados foram os tamanhos, temperaturas e porcentagem de GC (mínimos, ideais e máximos). Seis potenciais marcadores de cada espécie foram identificados e serão validados para a confecção dos iniciadores SSR para a garapa e o angelim. Essa ferramenta deverá ser aplicada para análises genéticas diversas, tanto para a caracterização genética de populações naturais e sintéticas quanto para bancos de germoplasmas. Novos recursos de bioinformática potenciais poderão ser explorados e validados para essa mesma finalidade.

Palavras-chave: *Apuleia leiocarpa*, *Andira fraxinifolia*, SSRs.

Agradecimentos: Embrapa e CNPq.



CARACTERIZAÇÃO BÁSICA DE SEMENTES E FRUTOS DE PEPININHO-DO-MATO (*VASCONCELLEA QUERCIFOLIA* A.ST. HILL.) UMA PANC NATIVA NO VALE DO TAQUARI/RS.

Aline de O. Marques Furini¹; Eliane Maria Kolchinski²; Elaine Biondo³, Victória Zagna⁴

^{1, 2, 3, 4} Universidade Estadual do Rio Grande do Sul - UERGS. *aline-furini@uergs.edu.br.

Plantas alimentícias não convencionais são espécies de grande importância ecológica, cultural, científica, consideradas elementos da Agrobiodiversidade, que embora estejam sendo amplamente divulgadas, ainda são negligenciadas, pouco estudadas, e consideradas inços ou matos. No Vale do Taquari do Taquari ocorrem muitas espécies de plantas alimentícias não convencionais, dentre elas o pepininho-do-mato (*Melothria cucumis* (Vell.) Cucurbitaceae. O pepininho-do-mato, também conhecido como pepininho ou pepininho silvestre, apresenta ampla distribuição geográfica na região, ocorrendo especialmente em bordas de matas, rodovias, acessos secundários e em propriedades rurais, principalmente onde há produção de base ecológica, pois apresenta-se frágil ao uso de agrotóxicos. Apresenta hábito trepador, floresce e frutifica na primavera e verão. É uma espécie nativa cujos frutos tem sabor mais acentuado do que o pepino convencional, podendo ser consumidos *in natura* ou em conservas. Os frutos incluem boas quantidades de cálcio, magnésio, fósforo e outros minerais e vitaminas, no entanto ainda há sérias lacunas no conhecimento biológico, nutricional e de características agrônômicas. Assim, o objetivo desta pesquisa foi realizar testes de germinação e análises físico-químicas em frutos de pepininho, a fim de ampliar o conhecimento sobre este recurso alimentar da agrobiodiversidade regional, estimulando seu cultivo e consumo. Foram coletados frutos de populações naturais nos municípios de Colinas, Encantado e Teutônia. Foram realizados testes de germinação e análises de textura, pH, acidez titulável e sólidos solúveis no Laboratório Multilab da Unidade da Uergs em Encantado. No teste realizado até o nono dia de observações, 34% das sementes germinaram, tendo formado raízes bem desenvolvidas, com até 4 cm. Os frutos apresentaram firmeza, e com °Brix para frutos verdes de 0,30 e maduros 1,25, bem como pH baixo. A análise da acidez titulável indicou um aumento significativo na concentração de ácido cítrico nos frutos maduros em relação aos verdes. Os resultados obtidos indicam que o pepininho-do-mato é uma planta alimentícia não convencional que pode ser consumida *in natura*, preparada na forma de conserva ou minipicles, bem como inserida em diferentes pratos. Cabe salientar que é fundamental a continuação dos estudos e a valorização destas espécies da agrobiodiversidade regional.

Palavras-chave: Agrobiodiversidade. Alimento. Germinação. Sementes. Agroecologia.



CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DA PALMEIRA *Copernicia prunifera* (MILL.) H. E. MOORE

Jandeson Silva Costa¹; Lidiane de Lima Feitoza²; Isis Gomes de Brito Souza²;
Breno Machado de Almeida²

¹Universidade Estadual do Piauí. ²Universidade Federal do Piauí.

*jhamsenscr.cla97@gmail.com

A palmeira *Copernicia prunifera* (MILL.) H. E. MOORE, conhecida popularmente como carnaúba, é uma espécie social, ambiental e economicamente importante por ser empregada na medicina, alimentação humana, formar áreas de mata ciliar e ser fonte de renda. No entanto, apesar de sua importância, ainda há carência de estudos citogenéticos sobre esta espécie. Nesse contexto, analisar plantas nativas, permite ampliar o conhecimento da cariologia dos táxons em geral, além de possibilitar a identificação, seleção e propagação de indivíduos que possuem características economicamente viáveis. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar citogeneticamente a espécie *C. prunifera*, de ocorrência natural no município de Campo Maior – PI, por meio da técnica de bandeamento com os fluorocromos Cromomicina A₃ (CMA) e 4'-6-diamino-2-fenilindol (DAPI). Sementes de frutos coletados diretamente da copa de exemplares da espécie foram colocadas para germinar. Após a germinação, as pontas das raízes foram extraídas, submetidas ao pré-tratamento com 8-hidroxiquinoleína (0,002 M), e fixadas em solução Carnoy (3:1). As lâminas foram preparadas com solução enzimática celulase 2% e pectinase 20%, envelhecidas por um período de três dias à temperatura ambiente. Posteriormente, foram coradas com 10µL de fluorocromo DAPI, observadas em microscópio de epifluorescência e pré-selecionadas. As melhores lâminas foram descoradas, envelhecidas por três dias e coradas com 10µL de CMA, ficando em câmara escura por uma hora. Em seguida, foram lavadas e secas para, então, serem contracoradas com DAPI por trinta minutos. Logo após, as lâminas foram lavadas, secas e montadas com meio de montagem McIlvaine-glicerol. Os resultados obtidos foram fotografados por meio de câmera digital Leica DF7000GT acoplada ao microscópio de epifluorescência Leica DM4B. As imagens obtidas foram editadas apenas quanto ao brilho e contraste utilizando-se o programa Adobe Photoshop CS6 Extended. Os resultados obtidos a partir da aplicação da técnica de bandamento CMA/DAPI são inéditos para a espécie *C. prunifera*. Foram observados núcleos interfásicos arreticulados. O bandeamento DAPI se mostrou positivo, bem como o bandeamento com CMA, que apresentou bandas terminais. A espécie possui cariótipo bimodal, de ocorrência na subfamília Coryphoideae. O complemento cromossômico de *C. prunifera* possui 2n=36 cromossomos. Os dados gerados a partir deste trabalho mostraram-se significativos para o esclarecimento sobre a taxonomia e evolução de *C. prunifera*, deste modo sugere-se mais estudos complementares para um maior entendimento citológico da espécie.

Palavras-chave: Assimetria cromossômica. Bandeamento CMA/DAPI. Número cromossômico.



VARIABILIDADE GENÉTICA EM GERGELIM POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES, MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS.

Eveline de Sousa Araújo¹; Nair Helena Castro Arriel^{2*}; Liziane Maria de Lima²; Roseane Cavalcanti dos Santos².

¹M.Sc em Ciências Agrárias-Universidade Estadual da Paraíba; ^{2*}Pesquisadora Embrapa Algodão, (nair.arriel@embrapa.br)

O conhecimento da variabilidade genética de uma espécie é primordial para o direcionamento da pesquisa e do desenvolvimento de seu programa de melhoramento. Para avançar nesse segmento, é indispensável que se tenha o máximo de informações sobre as características que distinguem seus indivíduos a fim de explorar ao máximo a variabilidade existente dentro da população da espécie em estudo. Os parâmetros morfológicos, agronômicos e moleculares são meios de estudar a diversidade genética, com intuito de conhecer a diversidade disponível, bem como identificar fontes de germoplasma promissoras para o melhoramento da espécie. Objetivou-se com este trabalho avaliar a variabilidade genética de 36 acessos de gergelim pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Gergelim da Embrapa Algodão por meio de marcadores morfoagronômicos e moleculares. O delineamento experimental adotado foi de blocos casualizados, com parcelas experimentais constituídas de três fileiras de 3 metros de comprimento, num espaçamento de 1m x 0,20m. Dez oligonucleotídeos específicos para gergelim foram usados para as análises moleculares. Dentre os marcadores morfológicos foram observados o tipo de desenvolvimento do caule, hábito e padrão de crescimento, formato, cor e pilosidade da haste; arranjo, formato, ângulo, simetria, incisão, cor e pilosidade da folha; presença de nectário extrafloral, cor da corola, pigmentação da flor, cor do lóbulo da flor, foveóla; arranjo, forma, pilosidade e deiscência da cápsula e cor das sementes. Quanto aos marcadores agronômicos foram avaliados: altura da planta, altura de inserção do 1º fruto, número de frutos por planta, número de frutos por axila foliar, tamanho do fruto e massa de mil sementes. A ANAVA foi adotada para avaliar as variáveis quantitativas e o método multicategórico para avaliar os dados qualitativos. Os métodos de agrupamento Tocher e UPGMA foram utilizados para avaliação dos acessos quanto à similaridade genética. Os marcadores agronômicos e moleculares foram os mais contributivos para o estudo da diversidade genética, em que foi possível identificar características de interesse como, precocidade nos acessos BAG 591 e BAG 649 e diferentes graus de similaridade. O método UPGMA apresentou melhor resultado para a análise de agrupamento. Os resultados obtidos darão suporte para o programa de melhoramento genético do gergelim desenvolver genótipos superiores com características de interesse agronômico.

Palavras-chave: *Sesamum indicum* L.; Banco de germoplasma; Diversidade genética.

Agradecimentos: Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba/ Embrapa Algodão.



SIMILARIDADE MORFOLÓGICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO MOCÓ DO NORDESTE DO BRASIL

Fernando dos Santos Araújo¹; Nair Helena Castro Arriel^{2*}; Riselane de Lucena Alcântara Bruno³

¹Universidade Federal do Agreste de Pernambuco, Pernambuco, Brasil. ²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Algodão, Campina Grande, Paraíba, Brasil. ³Universidade Federal da Paraíba, Paraíba, Brasil. E-mail: nair.arriel@embrapa.br

O algodão mocó é um ecótipo local de *Gossypium hirsutum* r. *marie-galante* Hutch. que ocorre no Nordeste do Brasil. O mesmo pode ser encontrado ocupando áreas perturbadas formando populações ferais, como planta útil em quintais e jardins domésticos ou em pequenas lavouras de subsistência. Neste estudo, as relações entre indivíduos de origem feral, doméstica e cultivada foram investigadas usando descritores morfológicos qualitativos multicategóricos. Para tanto, seis genótipos de algodão mocó incluindo dois indivíduos de origem feral, três indivíduos de origem doméstica e um indivíduo de origem melhorada (cultivar melhorado CNPA 5M) foram caracterizados morfolologicamente usando 27 descritores morfológicos qualitativos multicategóricos. Os caracteres fornecidos por cada descritor foram classificados como monomórficos e polimórficos e sua presença/ausência computada para todos os genótipos. Esses dados foram submetidos à Análise de Agrupamento usando o Índice de similaridade de Jaccard (J), sendo os resultados apresentados de forma gráfica em um dendrograma de similaridade baseado no método de agrupamento Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Average (UPGMA). Os descritores pilosidade do caule, coloração do caule, densidade da folhagem, conformação da planta, nectários da planta, forma da folha, tamanho da folha, pilosidade na face superior da folha, pilosidade na face inferior da folha, número de dentes das brácteas, cor da corola, mancha na pétala, comprimento da pétala, posição do estigma, comprimento dos filetes e formato do fruto geraram um total de 50 caracteres dos quais 34 foram polimórficos. Esse alto nível de polimorfismo (68%) indicou a existência de uma ampla variabilidade morfológica entre os genótipos estudados, contudo não foram suficientes para distinguir os genótipos segundo o seu modo de ocorrência como demonstrado na Análise de Agrupamento. Esses resultados sugerem que os descritores foram eficazes para revelar a similaridade morfológica entre os genótipos avaliados, mas fornecem poucas evidências para discriminação segundo o modo de ocorrência. Os autores agradecem ao apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001 e da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Algodão.

Palavras-chave: Diversidade genética; *Gossypium* L.; Variedade local.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa ou instituições de ensino.



Recursos Genéticos Vegetais

4 - Conservação e Uso



BIOMETRIA DE FRUTOS E SEMENTES DE CAGAITA EM POPULAÇÃO NATURAL

Felix Loian Borges da Paz¹; Amando Oliveira Matias¹; Michelli Ferreira dos Santos¹; Marcones Ferreira Costa^{1*}

¹Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor apresentador: marconescosta@ufpi.edu.br.

A biometria de frutos e sementes é importante para caracterizar as variações intra e interpopulacionais, permitindo inferir sobre os fatores ambientais e genéticos que determinam as divergências entre populações. Desse modo, o objetivo deste estudo foi caracterizar fisicamente frutos e sementes de cagaita (*Eugenia dysenterica*) em população de ocorrência natural no estado do Piauí (PI), Brasil. Os dados foram coletados no município de Nazaré do Piauí, PI. Para a biometria (n = 200 frutos e 228 sementes), foram avaliados peso dos frutos e das sementes (g), diâmetro longitudinal e transversal do fruto (mm), número de semente por fruto, o peso total de sementes (g) e o peso de polpa e casca (g). Os dados biométricos foram analisados por meio de estatística descritiva (valores mínimos, máximos, média, coeficientes de variação, de assimetria e de curtose). Considerando-se a distribuição das variáveis biométricas, foi possível identificar frutos com peso variando entre 2,89 a 11,87g; os valores para o peso da semente estiveram entre 0,3 a 3,6 g. Na avaliação do diâmetro longitudinal e transversal do fruto os valores estiveram respectivamente entre 11 a 21 mm e 13 a 24 mm. Os frutos apresentaram de 1 a 3 sementes, o que indica a presença de variação fenotípica entre as cagaitas. De acordo com a análise da estatística descritiva, as variáveis, peso total das sementes e peso de polpa e cascas apresentaram maior diferença nos valores do coeficiente de variação (CV%): 19,23 e 19,67%, respectivamente. Em relação à assimetria, ocorreu distribuição à esquerda no peso dos frutos e da polpa e casca. As demais variáveis apresentaram valores positivos, com distribuição assimétrica à direita. As características número de sementes por fruto e o peso da polpa e casca apresentaram medida de curtose menor que a distribuição normal. O estudo permitiu verificar a existência de variação nas características biométricas dos frutos e sementes de cagaita, que são provavelmente influenciadas por fatores ambientais e genéticos. Ademais, estes são marcadores morfológicos importantes que podem auxiliar na diferenciação de genótipos de cagaita e contribuir para estudos de divergência genética.

Palavras-chave: análise de frutos e sementes; *Eugenia dysenterica*; descritores morfológicos.

Agradecimentos: Universidade Federal do Piauí.



MUDANÇAS CLIMÁTICAS E A VIABILIDADE DE SEMENTES DE *BOWDICHIA VIRGILIOIDES* KUNTH

Edimara Ribeiro de Souza¹; Lorena Passos de Souza¹; Diogo Martins de Magalhaes¹; Manuela Oliveira de Souza¹; Andrea Vita Reis Mendonça¹

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia-UFRB. edimara21ribeiro@gmailcom

As consequências ambientais das alterações climáticas ainda são pouco conhecidas. Há evidências do aumento contínuo da temperatura do planeta, o que torna importante a análise do efeito desta alteração nas espécies vegetais. A coleta de sementes foi realizada na área de proteção ambiental Lagoa da Pedra do Cavalo e área urbana de Cruz das Almas-BA. A montagem do experimento foi em delineamento inteiramente casualizado, quatro temperaturas (25°C, 35°C, 45°C e 50°C), e quatro repetições de 25 sementes. As sementes foram colocadas em recipientes de isopor de dimensões 20X20 cm, preenchidos com terra e acondicionadas em incubadoras com controle de temperatura e fotoperíodo (12 horas de luz). As sementes foram colocadas na profundidade de 4 cm. Aos 15 dias, após o condicionamento, foram conduzidos testes de germinação, em rolos de papel umedecidos e colocados em sacos plásticos transparentes e acondicionados em germinadores com controle de fotoperíodo (12 horas de luz) e temperatura (30°C). As sementes recém coletadas (testemunha) também foram submetidas ao teste de germinação. As variáveis avaliadas foram: percentual de formação de plântulas normais, comprimento da parte aérea e da raiz. As avaliações foram conduzidas por quatro meses. Para a análise de variância e de regressão utilizou-se o software R. O percentual de formação de plântulas normais atingiu valor máximo (63%) após submetidas a temperatura de 35°C por 15 dias ($\% \text{Normais} = -0.1569x^2 + 11.008x - 135.51$; $x = \text{temperatura}$; $R^2 = 0.6$). O percentual médio de plântulas normais da testemunha foi de 34% e diferenciou apenas do tratamento de 35°C ($p\text{-valor}=0.0030$). Após submetidas por 15 dias na temperatura de 50°C o percentual médio de plântulas normais foi de 27%. O comprimento da parte aérea não diferenciou entre as temperaturas de exposição. O comprimento da raiz (CR) reduziu com o aumento da temperatura de exposição ($CR = -0.0365x + 3.831$; $R^2 = 0.7$). Estes resultados evidenciam que a exposição a temperatura de 35°C estimula a germinação e favorece o vigor de sementes de *B. virgilioides* e que a partir desta temperatura há perda de vigor. Entretanto, 27% das sementes se mantiveram viáveis quando expostas a temperatura de 50°C, o que sugere que esta espécie tem potencial para sobreviver em temperaturas mais elevadas e que futuros programas de melhoramento são promissores para seleção de genótipos mais adaptados ao futuro cenário de aumento da temperatura global.

Palavras-chave: temperatura; germinação; sucupira

Agradecimentos: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia-UFRB, Instituto do Meio ambiente e Recursos Hídricos (INEMA)



CAPACIDADE DE GERMINAÇÃO E CRESCIMENTO INICIAL EM SEMENTES DE MURICI

Willian Araújo Campos¹; Roberta Machado Santos² *

^{1,2}Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano/*Campus Xique- Xique*. *E-mail do autor apresentador: roberta.santos@ifbaiano.edu.br

Fruto de origem amazônica, o murici, pertencente ao gênero *Byrsonima* e a família Malpighiaceae. Os frutos são utilizados na fabricação de sucos, bebidas alcoólicas, geleias e consumo *in natura*, possui elevado valor nutricional, alto teor lipídico e rico em vitamina C. Mesmo diante da importância econômica para as comunidades locais os estudos ainda são incipientes. Frente à escassez de informações sobre métodos de superação de dormência de baixo custo e efetivos, faz-se necessário o desenvolvimento de técnicas que solucionem a baixa e lenta germinação em murici. Os conhecimentos gerados poderão ser utilizados em projetos de conservação de sementes, seleção de genótipos e futuros bancos de germoplasma. O objetivo do presente trabalho foi avaliar tratamentos pré-germinativos, a fim de superar a dormência correlacionando a viabilidade das sementes ao longo tempo e crescimento inicial de plântulas. Os pirênios foram coletados no município de Uibaí/BA, escarificados com auxílio de uma lixa d'água, em seguida submersos, por 2 minutos, em uma solução de hipoclorito comercial. Em seguida foram semeados em bandeja para sementeiras, em substrato plantmax e regados diariamente, por 45 dias. O experimento foi composto por 8 tratamentos resultantes da combinação de duas idades dos pirênios, aqueles armazenados por 12 meses e os recém-colhidos (0 meses). Foram utilizados os seguintes tratamentos: controle com pirênios intactos; pirênios intactos submerso em água/24 horas; os pirênios escarificados e submerso em água/24 horas e os pirênios intactos submerso em solução de ácido giberélico (GA₃) 500 mg L⁻¹/24 horas. Foram avaliados a porcentagem de germinação (G%), número de plântulas normais (PN), tempo médio de germinação (TMG), índice de velocidade de germinação (IVG), comprimento da raiz (CR) e altura da planta (AL). O delineamento foi inteiramente casualizado, com 4 repetições de 25 pirênios. A análise de variância e as médias comparadas por Tukey 5% de probabilidade. A G% variou com o tipo de método utilizado e a idade das sementes, as melhores médias foram observadas nos lotes de 12 meses com 20% de G% para os pirênios submersos no GA₃. Os pirênios intactos submersos em água, com 12 meses, apresentaram maior CR, 3.76 cm. Observou-se que as sementes com 12 meses apresentaram resultados mais significativos para PN, TMG e IVG, pode-se inferir que as estas obtiveram maior maturidade fisiológica diminuindo o período de dormência. A submersão em GA₃ apresentou-se como melhor alternativa para a superação da dormência. No entanto são necessários mais estudos sobre outras concentrações de GA₃.

Palavras-chave: Dormência; *Byrsonima*; Pirênios

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão da bolsa e ao IF Baiano.



ANÁLISE DA ESTABILIDADE GENÉTICA DE PLANTAS IN VITRO DE *Cleome spinosa* JACQ. (CLEOMACEAE) APÓS A CRIOPRESERVAÇÃO

Anna Flávia R. M. Vilardo; Lívia da S. Cordeiro; Jhennifer M. L. D'avila;
Gustavo D. S. Lima; Norma Albarello; Claudia Simões-Gurgel

Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan); Núcleo de Biotecnologia Vegetal (NBV); Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG); Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). E-mail: anna.flavia.vilardo@gmail.com

A criopreservação é uma ferramenta que permite a conservação em longo prazo de germoplasma vegetal de interesse, minimizando os riscos de perda da diversidade genética. Entretanto, os procedimentos empregados durante esse processo podem causar estresse e danos físicos, químicos e/ou fisiológicos, podendo acarretar em efeitos negativos para a estabilidade genética do material, induzindo variações somaclonais. Dessa forma, é importante que os protocolos de criopreservação sejam associados à avaliação da estabilidade genética dos materiais recuperados após o resfriamento em nitrogênio líquido (NL). Este trabalho objetivou a análise da estabilidade genética de plantas regeneradas após a criopreservação, pela técnica de V-Crioplaca, de ápices caulinares de *Cleome spinosa* Jacq., espécie medicinal utilizada popularmente no combate a doenças respiratórias e processos inflamatórios. Plantas recuperadas, expostas ou não ao NL, com 12 semanas de cultivo *in vitro*, foram comparadas às suas respectivas plantas matrizes quanto aos seus padrões de amplificação por PCR (*Polymerase Chain Reaction*), usando 10 *primers* da técnica SCoT (*Start Codon Targeted*) e da técnica ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*). Os produtos das reações de PCR foram separados por eletroforese em gel de agarose e os padrões de bandas formados foram visualizados sob luz ultravioleta e avaliados quanto à presença ou ausência de bandas nas amostras. A análise comparativa dos padrões de bandas gerados pelas técnicas SCoT e ISSR revelou um alto grau de semelhança entre as amostras criopreservadas e as suas plantas matrizes. Para a técnica de SCoT, foi obtido um total de 2.619 fragmentos, sendo apenas um polimórfico. Para a ISSR, foram amplificados 4.347 fragmentos, sendo todos monomórficos. Em ambas as técnicas de marcadores moleculares, a similaridade entre as amostras foi corroborada usando o índice de Jaccard, que variou de 0,99 (para a única amostra contendo polimorfismo) a 1,0 (para as demais amostras). Os resultados demonstraram que a criopreservação de ápices de *C. spinosa*, pelo protocolo de V-Crioplaca proposto, permite a obtenção de plantas estáveis geneticamente. Com isso, é possível validar o uso dessa estratégia para a conservação em longo prazo da espécie, garantindo assim a manutenção de materiais biotecnológicos de *C. spinosa* para estudos de suas atividades medicinais.

Palavras-chave: Conservação; Marcadores moleculares; Planta Medicinal.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPERJ.



SELEÇÃO DE PRIMERS SCOT E ISSR PARA ANÁLISE DA ESTABILIDADE GENÉTICA DE PLANTAS *IN VITRO* DE *Hovenia dulcis* THUNB. (RHAMNACEAE)

Jhennifer Martins de Lima D'avila*; Livia da Silva Cordeiro; Aline Medeiros Saavedra; Thaís Athayde; Claudia Simões-Gurgel; Norma Albarello

Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan); Núcleo de Biotecnologia Vegetal (NBV); Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG); Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). E-mail: jhennifer.martins@outlook.com

Durante o cultivo *in vitro*, alguns fatores podem induzir alterações genéticas ou epigenéticas, denominadas variações somaclonais. O monitoramento da estabilidade genética constitui uma importante etapa na conservação *in vitro* de germoplasma, podendo ser realizado por meio de marcadores moleculares. *Hovenia dulcis* Thunb., popularmente conhecida como uva-do-Japão ou caju japonês, é uma espécie arbórea de valor medicinal, destacando-se também no Brasil, por seus efeitos no tratamento de doenças hepáticas e contra a intoxicação alcoólica. Estudos biotecnológicos vêm sendo realizados, aplicando diferentes técnicas de cultura de tecidos vegetais, de forma a garantir o estabelecimento *in vitro* do germoplasma da espécie, bem como a exploração de substâncias de interesse medicinal e econômico. Este estudo objetivou a seleção de *primers* das técnicas de marcadores moleculares *SCoT* (*Start Codon Targeted*) e *ISSR* (*Inter Simple Sequence Repeat*), visando à investigação da estabilidade genética de *H. dulcis*. Plantas propagadas e mantidas por subcultivos a cada 60 dias em meio de cultura MS suplementado com as citocininas BA e KIN (0,5 mg.L⁻¹) foram utilizadas como fonte de material para o estudo. As amostras de DNA foram extraídas a partir das folhas pelo método CTAB, quantificadas em gel de agarose e armazenadas a -20°C para serem utilizadas nos ensaios de marcadores moleculares. Foram testados 25 *primers* da técnica *SCoT* e 17 da técnica *ISSR*, e os produtos de amplificação foram avaliados por eletroforese em gel de agarose. Para a técnica *SCoT*, 24 *primers* apresentaram padrões de amplificação com bandas nítidas e reproduzíveis, somando um total de 186 bandas. Na técnica *ISSR*, 15 *primers* apresentaram amplificação satisfatória, com um total de 197 bandas geradas. Os resultados indicam que os marcadores moleculares obtidos no presente estudo, pelas técnicas *SCoT* e *ISSR*, mostram-se ferramentas eficientes para a avaliação da estabilidade genética de plantas de *H. dulcis* cultivadas *in vitro*.

Palavras-chave: Conservação *in vitro*; Marcadores moleculares; Planta medicinal.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPERJ.



INFLUÊNCIA DE REGULADORES DE CRESCIMENTO VEGETAL E SEUS INIBIDORES NA TOLERÂNCIA À DESSECAÇÃO EM SEMENTES DE *CAMPOMANESIA XANTHOCARPA*

Amanda Pereira dos Santos^{1*}; Rosa Angelica Elias da Silva¹; Daniela Goeten¹; Neusa Steiner¹

¹Laboratório de Fisiologia Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC 88040-900, Brasil. *amandadsantos.12@gmail.com

Aproximadamente de 50% das plantas das florestas tropicais produzem sementes sensíveis à dessecação como é o caso da *Campomanesia xanthocarpa* Berg, espécie nativa do Brasil e com elevado valor ecológico e econômico. A sensibilidade à dessecação das sementes impõe restrições à conservação em bancos de germoplasma convencionais e desenvolvimento de protocolos diferenciados faz-se necessário para a conservação *ex situ* desta espécie. Atualmente, existe a possibilidade de indução da tolerância à dessecação (TD) em sementes sensíveis por meio da alteração do conteúdo de dois reguladores do crescimento vegetal (ácido abscísico-ABA e giberelina-GA) considerados decisivos na aquisição de TD. Nesse estudo foi avaliado o efeito da aplicação de sete soluções (Água, ácido abscísico (ABA), diniconazole (DE - inibidor do catabolismo do ABA), fluridone (FLU - inibidor da biossíntese do ABA), ABA/DE, DE/FLU e paclobutrazol (PAC – inibidor da biossíntese de giberelina) para avaliar a tolerância à dessecação (TD) de sementes de *C. xanthocarpa*. As sementes foram embebidas por 36 horas nas respectivas soluções e parte delas foi colocada para germinar, e outra parte foi dessecada em sílica gel até atingir 0,07 gH₂O gMS⁻¹ sendo em seguida submetidas ao teste de germinação. Observou-se que os tratamentos não influenciaram a germinabilidade e índice de velocidade de germinação (IVG) das sementes que não foram dessecadas, enquanto que as sementes submetidas à dessecação apresentaram diferença na germinabilidade e IVG na maioria dos tratamentos. Foi observada maior germinabilidade quando as sementes foram embebidas em Água e ABA (Água: 37,5% ± 6,4; ABA: 43,7% ± 8,5) quando comparadas com as sementes que foram apenas dessecadas (20,2% ± 5,2). Também foi observada redução da germinabilidade e IVG no tratamento onde foi aplicado o fluridone (7,5 ± 5), indicando que o ABA é necessário para aumento da TD. O tratamento que combinou ABA e DE não aumentou a TD, isto pode indicar que existe um limiar de ABA endógeno para TD e posterior germinação. Os resultados indicaram que o ABA exerceu uma função primordial no aumento da TD, provavelmente participando da ativação dos mecanismos de proteção ao estresse causado pela dessecação. Apesar dos resultados promissores deste trabalho, mais estudos ainda precisam ser realizados para que o armazenamento dessas sementes seja uma opção viável para conservação, permitindo assim maior exploração do potencial de uso da espécie.

Palavras-chave: Ácido abscísico; Myrtaceae; dessecação.

Agradecimentos: CNPq; Capes.



COMPORTAMENTO FISIOLÓGICO DE SEMENTES DE *Campomanesia littoralis* (D. Legrand) e *C. xanthocarpa* (O. Berg) DURANTE O ARMAZENAMENTO

Rosa Angelica Elias.¹; Maycon Morais¹; Daniela Goeten¹; Amanda Santos¹,
Neusa Steiner¹

¹Laboratório de Fisiologia vegetal, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina. *angelada.elias.silva@gmail.com

Campomanesias apresentam ampla dispersão na Floresta Tropical Atlântica e potencial de uso alimentício e farmacológico. No entanto, como consequência das atividades antrópicas nesse ecossistema, oito de suas espécies encontram-se catalogadas na lista vermelha de espécies ameaçadas da IUCN. Além disso, estas espécies produzem sementes sensíveis à dessecação, o que implica em rápida germinação e dificuldade de armazenamento em bancos de germoplasma convencionais. O objetivo deste estudo foi avaliar a viabilidade de sementes de *Campomanesia littoralis* e *Campomanesia xanthocarpa* armazenadas com diferentes conteúdos de água (CA) em temperaturas de 30, 8, -20 e -196 °C durante 7, 15 e 30 dias. Para isso, foram realizados testes de germinação e de tetrazólio para cada um dos tratamentos. As sementes de *C. littoralis* e *C. xanthocarpa* com 0.86 e 0.16 g H₂O.g ps⁻¹ não toleraram armazenamento a -18 e -196 °C em nenhum dos períodos avaliados. Sementes de *C. littoralis* com 0.86 g H₂O.g ps⁻¹ mantém 100% de viabilidade em todo o período de armazenamento a 8 °C, mas a 30 °C germinam aos sete dias dentro dos sacos de armazenamento, inviabilizando a conservação nesta temperatura. Nesta mesma espécie, quando o CA foi reduzido para 0.16 g H₂O.g ps⁻¹ após 30 dias de armazenamento, somente 78% das sementes germinaram quando ficaram a 8 °C, mas 98% germinaram se mantidas a 30 °C. Para as sementes de *C. xanthocarpa* com 0.86 g H₂O.g ps⁻¹, somente 15% das sementes germinaram após serem armazenadas 15 dias a 8 °C, mas quando mantidas por este mesmo período a 30 °C, 43.3% delas germinaram. Após este período, as sementes não germinaram em nenhuma das temperaturas. As sementes de *C. xanthocarpa* com 0.16 g H₂O.g ps⁻¹ não mostraram capacidade de armazenamento em nenhuma das temperaturas e períodos testados. O tetrazólio confirmou todos os resultados do teste de germinação. Nossos resultados indicam que, para os CA avaliados, as sementes de *C. xanthocarpa* podem ser armazenadas somente por 15 dias a 30 °C, enquanto que para *C. littoralis* a viabilidade é mantida por 30 dias a 30 e 8 °C. No entanto, sementes das duas espécies não toleram armazenamento a baixas temperaturas (-18 e -196 °C). Estes resultados mostram a importância do conteúdo de água e temperatura na viabilidade de sementes recalcitrantes e a necessidade novos experimentos para estabelecimento de protocolos de conservação *ex situ*. Além disso, este estudo pode auxiliar na compreensão da dinâmica de germinação das sementes destas espécies frente ao cenário de antropização e de mudanças climáticas no seu ecossistema de origem.

Palavras-chave: Banco de germoplasma; Recalcitrante, Dessecação.

Agradecimentos: CNPq. Capes



ARMAZENAMENTO DE SEMENTES DE *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth

Karine Pacheco de Jesus¹; Manuela Oliveira de Souza¹; Josemara Ferreira dos Santos¹; Josival Santos Souza¹; Andrea Vita Reis Mendonça^{1*}

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia-UFRB. andrea@ufrb.edu.br

Apesar da importância de *M. caesalpiniiifolia*, espécie arbórea de potencial madeireiro, farmacológico e apícola, as técnicas de armazenamento de sementes desta espécie ainda não foram completamente elucidadas. O objetivo deste estudo foi definir condições para o armazenamento de sementes de *M. caesalpiniiifolia*. O experimento foi conduzido no Laboratório de Ecologia e Restauração Florestal da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, campus Cruz das Almas. Os frutos maduros foram coletados, em setembro de 2018, de onze matrizes, situadas no campus. Após o beneficiamento, as sementes foram caracterizadas quanto a germinação e teor de umidade. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com quatro tratamentos (sementes armazenadas em ambiente de laboratório sem controle de temperatura; sementes armazenadas nas temperaturas de -21°C, 0°C e 10°C) e quatro repetições de 25 sementes. Os períodos de armazenamento testados foram: 3, 6 e 12 meses. Durante o armazenamento as sementes foram acondicionadas em tubos falcon hermeticamente fechados. Após cada período de armazenamento conduziu-se o teste de germinação em incubadoras com temperatura de 30°C e fotoperíodo de 12 horas, em rolos de papel umedecidos com água e colocados em sacos transparentes. Foram realizadas contagens diárias, avaliando-se o número de sementes germinadas, sementes mortas, sementes duras, plântulas normais e plântulas anormais. Para a análise dos dados empregou-se modelos lineares generalizados, distribuição binomial e função de ligação logit, e as inferências da análise de deviance (ANODEV) foram baseadas na estatística do Chi-Square. Para verificar as amplitudes de diferenças entre os tratamentos foram empregados testes de comparações múltiplas de medias com ajuste de Tukey. A umidade inicial das sementes foi de 16.35%±1.67%. Sementes recém coletadas tiveram 75%±10.3% de germinação e 64%±11.5% de plântulas normais. Aos 12 meses após o armazenamento as sementes colocadas em ambiente sem controle de temperatura formaram 58%±12.3% de plântulas normais. Entretanto, este valor foi significativamente inferior as demais condições de armazenamento: -21°C = 89%±7,8%; 10°C = 88.0±8,1; 0°C = 85,0%±8,9%, as quais não diferenciaram estatisticamente umas das outras. Sementes coletadas de frutos maduros de *M. caesalpiniiifolia* mantêm a viabilidade, por pelo menos 12 meses, quando armazenadas nas temperaturas de -21°C; 0°C e 10°C.

Palavras-chave: Conservação; Fabaceae; sabiá

Agradecimentos: Instituto do Meio ambiente e Recursos Hídricos (INEMA)



ACLIMATIZAÇÃO DE PLANTAS DE *Cleome spinosa* JACQ. (CLEOMACEAE) APÓS A CRIOPRESERVAÇÃO

Anna Flávia R. M. Vilaro; Gustavo D. S. Lima; Lívia da S. Cordeiro; Adriana M. Lanziotti; Norma Albarello; Claudia Simões-Gurgel

Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan); Núcleo de Biotecnologia Vegetal (NBV); Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG); Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). E-mail: gustavodiasslima@gmail.com

Cleome spinosa Jacq. é uma espécie herbácea utilizada na medicina tradicional no combate a doenças do trato respiratório e processos inflamatórios. Devido ao seu potencial medicinal, a espécie tem sido investigada sob o ponto de vista biotecnológico, por meio do estabelecimento de protocolos de cultura de tecidos, assim como pela conservação em longo prazo pela técnica de criopreservação. No presente estudo, foi avaliada a metodologia de transferência de plantas, recuperadas após o processo de criopreservação a partir de ápices caulinares de *C. spinosa*, das condições *in vitro* para condições *ex vitro* (aclimatização). Essas plantas foram mantidas sob cultivo em meio MS sem suplementação hormonal em câmara de crescimento a $26 \pm 2^\circ\text{C}$, com intensidade luminosa de $45 \mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ e fotoperíodo de 16 horas. Após 16 semanas de cultivo *in vitro*, plantas com altura média de $10,8 \pm 0,32$ cm e $9,78 \pm 0,32$ folhas/planta foram removidas dos frascos de cultura e suas raízes foram lavadas em água corrente para a remoção do excesso dos resíduos de meio. Em seguida, foram transplantadas para vasos plásticos (7 x 10 cm) com terra preta adubada e cobertos com campânulas plásticas transparentes. Os vasos foram dispostos em bandejas contendo uma fina lâmina de água, a qual era trocada a cada dois dias, e mantidos a $28 \pm 3^\circ\text{C}$ sob fotoperíodo de 12 horas. Depois de 15 dias, as campânulas foram gradualmente perfuradas (dois furos/semana) e totalmente removidas ao final de 60 dias, quando receberam rega semanal com 2 mL de solução preparada com sais do meio MS. Os parâmetros avaliados foram o percentual de plantas recuperadas aclimatizadas (taxa de aclimatização), a altura das plantas e o número de folhas após 30 e 60 dias da transferência para condições *ex vitro*. Foi alcançada taxa de aclimatização de 100% após 30 dias, sendo esse valor mantido após 60 dias. As plantas aclimatizadas apresentaram aumento em altura ($15,6 \pm 0,76$ cm) e número de folhas ($15,44 \pm 1,2$) após 30 dias e ao final do período de acompanhamento (60 dias) alcançaram altura média de $21,7 \pm 0,98$ cm e um significativo aumento no número de folhas ($25,11 \pm 2,82$). Além de apresentarem bom desenvolvimento, as plantas aclimatizadas exibiam aspecto fenotípico normal. Esses resultados demonstram a eficiência do processo de criopreservação empregado na conservação em longo prazo de *C. spinosa*.

Palavras-chave: Conservação *in vitro*; Cultura de tecidos; Planta medicinal

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPERJ



EFEITO DE DIFERENTES CONDIÇÕES DE RECUPERAÇÃO NA CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE *Hovenia dulcis* THUNB. (RHAMNACEAE)

Aline Medeiros Saavedra; Lívia da Silva Cordeiro; Thaís Athayde;
Norma Albarello; Claudia Simões-Gurgel

Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan); Núcleo de Biotecnologia Vegetal (NBV); Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG); Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). E-mail: linesaavedra@hotmail.com

Hovenia dulcis Thunb. é uma espécie arbórea originária da Ásia, conhecida popularmente como uva-do-Japão. É utilizada na medicina popular, principalmente para amenizar os efeitos do consumo de álcool, apresentando também as atividades hepatoprotetora, antioxidante, antineoplásica, entre outras. Considerando a relevância do estabelecimento de culturas *in vitro* e conservação em longo prazo de plantas medicinais, no presente estudo foi investigada a etapa de recuperação no processo de criopreservação de ápices caulinares de *H. dulcis*. A partir de plantas *in vitro*, foram preparadas microestacas (2,0 cm) mantidas durante três semanas em meio MS sem suplementação hormonal. Das microestacas foram excisados ápices caulinares (2,0 mm) submetidos à criopreservação pela técnica de vitrificação em crioplaquetas de alumínio (V-Crioplaqueta). Os ápices foram pré-tratados em meio com alta concentração de sacarose (0,3M) por 24h antes de serem fixados às crioplaquetas com auxílio de solução de alginato de cálcio. A seguir, as crioplaquetas foram imersas em *loading* (20 min) e em PVS2 por diferentes tempos (60; 90; 120; 150 min), antes do resfriamento em nitrogênio líquido. Após reaquecimento, os ápices foram removidos das crioplaquetas e transferidos para meio MS suplementado com a associação de BAP e KIN em diferentes concentrações (0,2 ou 0,5 mg.L⁻¹). Outra condição avaliada durante a etapa de recuperação foi a inoculação dos ápices sobre uma folha de papel de filtro disposta na superfície dos meios de cultura citados. Os parâmetros avaliados foram sobrevivência (% de ápices verdes após 4 semanas) e recuperação (% de plantas regeneradas após 8 semanas). Ápices inoculados em meio com citocininas na concentração de 0,5 mg.L⁻¹ alcançaram maiores valores de sobrevivência e recuperação (87% e 45%, respectivamente) quando tratados em PVS2 por 120 min. A redução das citocininas (0,2 mg.L⁻¹) não se mostrou eficaz, sendo necessário um maior período de exposição à PVS2 (150min) para serem atingidas as maiores taxas de sobrevivência (63%) e recuperação (40%). O tratamento que associou a suplementação com BAP + KIN (0,5mg.L⁻¹) ao uso de papel de filtro se mostrou a metodologia mais eficiente, com valores de 68% (sobrevivência) e 62% (recuperação) para ápices tratados em PVS2 por 120 min. As plantas regeneradas a partir dos ápices criopreservados apresentaram aspecto fenotípico normal, demonstrando a eficiência do protocolo.

Palavras-chave: Citocininas; PVS2; V-Crioplaqueta

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPERJ



USO DE ÁPICES CAULINARES OBTIDOS DE BROTO AXILARES E MICROESTACAS *IN VITRO* PARA A CRIOPRESERVAÇÃO DE *Hovenia dulcis* THUNB. (RHAMNACEAE)

Thaís Athayde dos Santos; Aline Medeiros Saavedra; Livia da Silva Cordeiro;
Tatiana C. Castro; Norma Albarello; Claudia Simões-Gurgel

Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan); Núcleo de Biotecnologia Vegetal (NBV); Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG); Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). E-mail: tatibel61@gmail.com

A conservação em longo prazo pela criopreservação é um processo importante para a manutenção de germoplasma vegetal de interesse. Essa técnica tem sido empregada em várias espécies de interesse econômico, incluindo plantas medicinais. *Hovenia dulcis* Thunb. tem sido muito utilizada pelas suas propriedades medicinais, especialmente no tratamento de intoxicação alcoólica. Neste estudo foi investigado o uso de ápices caulinares para a criopreservação de *H. dulcis* empregando-se a técnica de V-Crioplaca. Os ápices (2,0 mm) foram obtidos a partir de brotos axilares de plantas mantidas *in vitro* em meio MS contendo 0,5 mg.L⁻¹ das citocininas BAP e KIN. Essas plantas também serviram de fonte de segmentos caulinares para o preparo de microestacas (2,0 cm) cultivadas em meio MS sem fitorreguladores, a partir das quais os ápices caulinares foram excisados. Os ápices foram pré-tratados em meio com 0,3M de sacarose (24h) e, posteriormente, aderidos às crioplacas de alumínio com auxílio de solução de alginato de cálcio. O material foi imerso em solução de *loading* (20 min), seguido por exposição a PVS2 (60; 90; 120; 150 min) e resfriamento em nitrogênio líquido (NL). Para o reaquecimento, as crioplacas foram retiradas do NL e imersas em solução *unloading* (15 min). Os ápices foram removidos das crioplacas e transferidos para papel de filtro disposto sobre meio MS sólido contendo BAP e KIN (0,5 mg.L⁻¹). Os parâmetros avaliados foram sobrevivência (% de ápices verdes após 4 semanas), recuperação (% de plantas regeneradas após 8 semanas) e o número médio de brotos/ápice (após 4 meses). As melhores taxas de sobrevivência e recuperação foram alcançadas após tratamento com PVS2 por 120 min para ápices de ambas as origens. Ápices excisados de brotos axilares alcançaram 75% de sobrevivência e 45% de recuperação. Para ápices obtidos de microestacas, os valores foram de 68% de sobrevivência e 62% de recuperação. Os ápices criopreservados apresentaram multibrotação, característica que foi mais expressiva em plantas recuperadas a partir de ápices oriundos de microestacas (4,3 a 7,4 brotos/ápice), em relação aos ápices obtidos de brotos axilares (2,7 a 6,0 brotos/ápices). Independentemente da origem dos ápices, as plantas recuperadas apresentaram aspecto fenotípico semelhante ao das plantas matrizes, demonstrando a viabilidade das duas fontes de explantes para uso no processo de criopreservação de *H. dulcis*.

Palavras-chave: Conservação *in vitro*, PVS2; V-Crioplaca

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPERJ



MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE *Bidens pilosa* L. SUBMETIDA A DIFERENTES CONCENTRAÇÕES HORMONAIS

Daniele Damian dos Santos^{1*}; Simone Ribeiro Lucho²; Luana Oliveira de Oliveira¹; Dalvan Carlos Beise¹; Valdir Marcos Stefenon¹; Juçara Teresinha Paranhos²; Melânia Palermo Manfron²

¹Universidade Federal do Pampa. ²Universidade Federal de Santa Maria.

*daniele.ds@hotmail.com

A diversidade vegetal no Brasil é imensa, assim como a quantidade de espécies que são utilizadas pela população ou indústria farmacêutica como medicinais. Muitas dessas plantas são retiradas de seu ambiente sem a devida reposição ou cultivo racional, onde carecem estudos que contemplem as formas de propagação. *Bidens pilosa* L. é nativa do Brasil, conhecida como picão-preto e usada na medicina popular para uma variedade de doenças como febre, angina, diabetes, edema, infecções e inflamações, além das atividades biológicas já comprovadas. Estudos de propagação de *B. pilosa* são relevantes, visando a padronização de um sistema de cultivo e consequente conservação de recursos genéticos. O objetivo do estudo foi realizar a micropropagação, a partir de plântulas assépticas obtidas da germinação *in vitro* de sementes. O meio de cultura utilizado foi o MS completo (Muraschige e Skoog), com 30 g L⁻¹ de sacarose, 1,5 mL L⁻¹ de fungicida carbendazim, 1 mL L⁻¹ de bactericida clortetraciclina, 6 g L⁻¹ de ágar, e combinações de BAP (6-Benzil amino purina) e ANA (ácido naftaleno acético): Controle; 0,5 mg L⁻¹ de BAP + 0,05 mg L⁻¹ de ANA; 1,0 mg L⁻¹ de BAP + 0,1 mg L⁻¹ de ANA. Segmentos apicais e nodais foram inoculados *in vitro*, e transferidas para sala de crescimento a 25 ± 1°C, com fotoperíodo de 16 h e radiação fotossintética de 40 µmol m⁻² s⁻¹. Os experimentos constaram de 2 repetições por tratamento, sendo a parcela experimental dos segmentos apicais e nodais composta por 12 e 10 explantes, respectivamente. As avaliações foram realizadas 30 dias após inoculação, e observou-se que a maior porcentagem de brotações ocorreu no meio sem fitorreguladores, com 37,5% (segmento apical) e 10% (segmento nodal), ou seja, o aumento nas concentrações hormonais não implica necessariamente, no melhor desenvolvimento de brotações, havendo um limite sutil entre a indução e inibição. O percentual de oxidação mais elevado ocorreu nas concentrações mais altas de reguladores de crescimento, com 95,83% (segmentos apicais) e 100% (segmentos nodais), podendo o corte do explante ocasionar a liberação de compostos fenólicos no meio, que juntamente com as maiores concentrações de reguladores, possivelmente foram fitotóxicos para os explantes. A porcentagem de contaminação foi menor, quando usado a maior concentração de fitorreguladores, sendo abaixo de 5%, o que se considera normal dentro das técnicas de cultivo de tecidos. Conclui-se que brotações aéreas de *B. pilosa* obtidas *in vitro*, ocorrem sem a necessidade do uso de hormônios exógenos.

Palavras-chave: planta medicinal; micropropagação; cultura de tecidos.

Agradecimentos: CAPES.



BIOMETRIA DOS FRUTOS DE *Rubus erythrocladus* Mart. (AMORA-VERDE) NA REGIÃO DO ALTO URUGUAI (RS)

Jéssica Parizotto^{1*}; Juliana Marcia Rogalski¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – *Campus* Sertão. *jessica.parizotto@hotmail.com

A necessidade de uma alimentação saudável tem tornado maior a procura por alimentos nativos com atributos nutraceuticos, como as pequenas frutas. Nesse grupo estão inclusas várias espécies, inclusive do gênero *Rubus*. *Rubus erythrocladus* é uma planta alimentícia não convencional (PANC), conhecida como amora-verde, com potencial para uso alimentar e medicinal. Os frutos são agregados, possuem coloração verde e sabor agradável, o que os torna atrativos para o consumo *in natura*. Este estudo teve como objetivo realizar a biometria dos frutos de *R. erythrocladus*. A coleta dos frutos foi realizada a partir de cinco indivíduos de amora-verde, em uma propriedade rural do município de Getúlio Vargas, RS. Ao todo, 208 frutos foram medidos, sendo obtidos: comprimento e largura (milímetros), com o auxílio de um paquímetro digital. A massa (gramas) desses frutos também foi obtida, com auxílio de balança de precisão (10^{-3}). Os dados foram analisados por meio de estatísticas descritivas (média e intervalo de confiança). Foram estimadas correlações de Pearson ($\alpha = 0,05$) entre: a massa do fruto e a massa das sementes; a massa do fruto e a massa da polpa dos frutos; e massa das sementes e a massa da polpa dos frutos. Também foram estimadas as correlações entre a massa do fruto e o comprimento ou o diâmetro do fruto. Para cada fruto (polidrupa) foi realizada a contagem do número drupas e sementes. Todas as drupas continham sementes. Cada polidrupa apresentou em média $55 \pm 9,44$ drupas e sementes. Em relação ao tamanho do fruto, o diâmetro médio foi de $13 \pm 1,25$ mm e o comprimento médio de $13 \pm 1,62$ mm. A massa média dos frutos foi de 1,949 g e a massa média das sementes por fruto foi de 0,225 g. As correlações entre a massa do fruto e a massa das sementes ($r = 0,814$; $P < 0,05$); e a massa do fruto e a massa da polpa ($r = 0,998$; $P < 0,05$) foram fortes, positivas e significativas. As correlações entre: a massa das sementes e a polpa dos frutos ($r = 0,774$; $P < 0,05$); a massa e o comprimento dos frutos ($r = 0,843$; $P < 0,05$); e a massa e o diâmetro dos frutos ($r = 0,742$ $P < 0,05$) foram positivos e significativos. A taxa de massa das sementes em relação à massa total do fruto foi, em média, de 10,4%, portanto a maior parte dos frutos (89,6%) é constituída de polpa. A expressiva taxa de polpa nos frutos é uma característica que pode agregar valor à espécie, já que é apreciada entre consumidores. Assim, considerando o potencial de utilização da espécie, a biometria do fruto se faz importante, haja vista a possibilidade de exploração dos mesmos enquanto recursos genéticos.

Palavras-chave: diversidade genética; pequenos frutos; PANC.

Agradecimentos: BICTES/IFRS; PET Conexões – Licenciatura em Ciências Agrícolas.



CONSERVAÇÃO DE *Parkia platycephala* (FABACEAE) NO PARQUE NACIONAL DE SETE CIDADES (PI)

Marilha Vieira de Brito^{1*}; João Gabriel Silva Moraes¹; Leonardo Castelo Branco Carvalho¹; Verônica Brito da Silva¹; José Baldin Pinheiro²; Maria Imaculada Zucchi³; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²Universidade de São Paulo. ³Universidade Estadual de Campinas. *marilhabio@hotmail.com

O Parque Nacional de Sete Cidades é uma área de conservação que engloba tanto o bioma Cerrado como a Caatinga, o que o torna interessante para analisar a diversidade e formas de utilizar seus recursos na conservação. A *Parkia platycephala* (Fabaceae), popularmente conhecida como fava de bolota, é uma forrageira nativa com potencial madeireiro e paisagístico, bem como, fonte de alimentação animal. A variabilidade genética dessa espécie é de grande importância para contribuir com a padronização de plantas para produção de mudas para restauração ambiental, além da sua conservação em bancos de germoplasma. O presente estudo teve como objetivo determinar a variabilidade genética de *Parkia platycephala* do Parque Nacional de Sete Cidades (PI) por meio de descritores biométricos. Foram analisadas duas populações com 30 plantas cada. As medições físicas foram realizadas em duas expedições no período de setembro e novembro de 2018. Os 14 caracteres biométricos quantitativos utilizados foram comprimento da folha, do pedicelo, da inflorescência imatura e madura, largura da inflorescência imatura e madura, número de vagens por inflorescência, comprimento, largura e peso da vagem, largura da vagem madura, número de lóculos por vagem, número de sementes por vagem, comprimento e largura da semente e peso de 100 sementes. A variabilidade genética foi avaliada utilizando-se as medidas de posição e de dispersão e pela estimação dos coeficientes de correlação fenotípica de Spearman. Os descritores relacionados às vagens apresentaram maior variabilidade. O comprimento de vagem apresentou correlação positiva significativa com todos os caracteres biométricos referentes às vagens, além de largura de semente e o peso de 100 sementes. A largura de vagem apresentou correlação significativa e positiva com largura e comprimento de inflorescência madura. Tais descritores biométricos são importantes na produção de forragem e de mudas para reflorestamento, assim, os resultados desse estudo mostram que existe variabilidade genética para os caracteres de vagem e semente, que essa informação é importante visto que a espécie é bastante utilizada na alimentação animal no período de pouca disponibilidade de alimento. E também a preservação dos indivíduos de ambas as populações contribuirá para a manutenção da diversidade genética e a conservação efetiva da espécie no Parque Nacional de Sete Cidades.

Palavras-chave: Faveira; Descritores biométricos; Correlação de Spearman.

Agradecimentos: Capes/PROCAD, FAPEPI, CNPq.



VIABILIDADE DE SEMENTES DE *Cattleya intermedia* Graham ex Hook. SOB DIFERENTES FORMAS DE ARMAZENAMENTO

Mariana Izabel Schvambach¹; Priscila Fernandes de Souza¹; Nadhine Nostrani Cabral¹; Cristina Magalhães Ribas dos Santos¹; Rosete Pescador¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail do autor apresentador: marianais1994@gmail.com

O armazenamento de sementes é um método de conservação eficiente e necessário para assegurar a qualidade das sementes e garantir a sobrevivência das espécies, principalmente aquelas que se encontram sob algum tipo de ameaça. As orquídeas, são um exemplo dessas espécies, visto que, detêm grande potencial econômico e ecológico. Diante deste cenário, é essencial elaborar estratégias que conservem esse valioso recurso genético. O objetivo deste trabalho foi avaliar a viabilidade de sementes de orquídea submetidas a diferentes condições de armazenamento ao longo do tempo. Os tratamentos foram constituídos por diferentes temperaturas: 25°C (ambiente), -20°C (freezer), -80°C (ultra freezer) e -196°C (criopreservação) e períodos: dois, quatro e seis meses. A viabilidade das sementes foi avaliada através do teste de tetrazólio, sendo utilizadas quatro repetições de 2 mg de sementes por tratamento com adição de 1,5 mL da solução de tetrazólio a 1% e mantidas no escuro por 24 horas. A contagem e identificação de sementes viáveis foram realizadas com auxílio de microscópio óptico, ao total foram avaliadas 500 sementes por tratamento, considerando-se viáveis apenas aquelas que apresentaram embriões reagentes ao carmim acético. Os resultados foram expressos em percentual de sementes viáveis e submetidos a análise de variância, cujas médias foram comparadas pelo teste Tukey a 5% de probabilidade. Sementes recém coletadas apresentaram viabilidade de 64%, porém foi observado redução deste parâmetro nos diferentes tratamentos. Após dois meses, a viabilidade foi de 45,4% (25°C), 48,6% (-20°C), 58,1% (-80°C) e 57,0% (-196°C), apenas os tratamentos de -80°C e -196°C, não apresentaram diferença estatística em relação as sementes recém coletadas. Após quatro meses de armazenamento, somente as sementes submetidas a temperatura de -80°C mantiveram a viabilidade em 49,9% sem diferença estatística em relação ao período de dois meses. Enquanto, as sementes armazenadas por seis meses apresentaram perda significativa da viabilidade em todas as temperaturas testadas, sendo a menor observada em 25°C (16,4%), ao mesmo tempo em que a temperatura de -80°C manteve a sua viabilidade em 45,6%. O teste de tetrazólio confirmou que o uso de baixas temperaturas durante o armazenamento das sementes é eficiente para preservar a viabilidade das mesmas, e que o uso da temperatura de -80°C se mostrou a técnica mais viável para a preservação das sementes por longos períodos.

Palavras-chave: Orquídeas; Tetrazólio; Conservação.

Agradecimentos: A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo financiamento dessa pesquisa.



DINÂMICA FENOLÓGICA DE POPULAÇÕES DE *Croton heliotropiifolius* KUNTH. EM UM GRADIENTE DE CERRADO/CAATINGA, CHAPADA DIAMANTINA, BRASIL

Thayse Moreira Costa¹; Marília Grazielly Mendes dos Santos^{1*}; Sâmia Paula Santos Neves¹; Lia d'Afonsêca Pedreira de Miranda¹; Ligia Silveira Funch^{1,2}

¹Laboratório Flora e Vegetação, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana; ²Programa de pós - graduação em Botânica, Universidade Estadual de Feira de Santana. *mara_cte@hotmail.com

A fenologia permite compreender como as espécies lidam com as variações ambientais no tempo e no espaço. Foi avaliada as variações fenológicas inter e intraespecíficas de *Croton heliotropiifolius* Kunt., com populações abundantes em cerrado e caatinga na Chapada Diamantina, Bahia. Esta pesquisa investigou a influência das variações ambientais na fenodinâmica dessa espécie em um gradiente de cerrado/caatinga. As fenofases vegetativas (brotamento, folha jovem e queda) e reprodutivas (botões masculinos e femininos, flores masculinas e femininas, frutos verdes e maduros) de 81 indivíduos (n = 27 indivíduos/área) foram acompanhadas durante 12 meses em três sítios com disponibilidade hídrica contrastante: caatinga, transição cerrado/caatinga e cerrado. As relações entre as fenofases e fatores abióticos foram testadas com regressão múltipla e correlação de Spearman. Um teste de estatística circular analisou a sazonalidade fenológica, e a diversidade e similaridade entre as três populações foram analisadas com índice de diversidade de Shannon-Wiener e índice de Morisita-Horn, respectivamente. As populações exibiram diferentes comportamentos vegetativos em termos de intensidade, sazonalidade e sincronia, porém características semelhantes nas suas fenofases reprodutivas nos sítios estudados. Houve correlação dos eventos fenológicos com a precipitação e disponibilidade de água no solo. *C. heliotropiifolius* apresentou altos níveis de diversidade fenológica vegetativa, com exceção da população da caatinga durante a estação seca. A diversidade fenológica reprodutiva variou ao longo do período estudado, com maiores valores durante a estação chuvosa. A semelhança reprodutiva entre as populações favorece a polinização e o sucesso reprodutivo da espécie e a diferença nos padrões vegetativos entre as populações mostrou que as fases foliares estão fortemente condicionadas pela disponibilidade de água (precipitação e a umidade do solo). Nossos resultados mostram a validade do uso de índices de diversidade e similaridade para explorar a variabilidade das respostas fenológicas.

Palavras-chave: Diversidade fenológica; Disponibilidade de água; Ecossistemas tropicais sazonalmente secos.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Nível Superior (CAPES) por financiar essa pesquisa - Código Financeiro 001, e a Fundação Chapada Diamantina pelo apoio nos trabalhos de campo.



AVALIAÇÃO DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE *CRAMBE ABSSYNICA* HOCHST

Víctor dos Santos Rosa de Oliveira^{1*}; Bruna Rafaela da Silva Menezes¹

¹Departamento de Genética, Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. *victor.hx3.oliveira@hotmail.com:

O crambe foi domesticado na Europa, na região do Mediterrâneo, mas é originário da África, mais especificamente da Etiópia, local de clima quente e seco, e é pertencente à família *Brassicaceae*. Devido ao seu alto teor proteico, o crambe pode ser utilizado como planta forrageira para alimentação animal. Além disso, é uma grande fonte de extração de óleo vegetal para confecção de biodiesel, podendo conter 38% de óleo em sua composição. As sementes de crambe apresentam um grande decréscimo na porcentagem de germinação após 6 meses, por isso o ideal é que sejam armazenadas em embalagens de material impermeável, como as metálicas ou PET, para evitar trocas gasosas com a atmosfera, para desacelerar seu envelhecimento e assim conservar seu potencial fisiológico. O objetivo desse trabalho foi avaliar a qualidade fisiológica das sementes de crambe com e sem tegumento e na presença e ausência de ácido giberélico. Para isso foi feita análise do teor de água das sementes e feitos os testes de germinação e primeira contagem. O teor de água foi determinado pelo método da estufa, a 105°C, durante 24 horas, com utilização de duas repetições. Para o teste de germinação foram utilizadas 50 sementes por repetição, colocadas para germinar em substrato de papel, a 25 °C, sendo realizada contagem das plântulas normais, no 7º dia após o início do teste. A primeira contagem foi realizada em conjunto com o teste de germinação, sendo realizada contagem das plântulas normais, no 4º dia após o início do teste. Foram usadas sementes com e sem tegumento, sob a presença ou não de ácido giberélico (GA), formando assim quatro tratamentos: 1º - Com tegumento e sem GA, 2º - Sem tegumento e sem GA, 3º - Com tegumento e com GA, e 4º - Sem tegumento e com GA. O delineamento foi o inteiramente casualizado, com quatro repetições. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. O teor de água encontrado foi de 9,8%. Para o teste de germinação, os tratamentos obtiveram os respectivos resultados: 1º = 67,62%; 2º = 55,00%; 3º = 63,12%, e 4º = 78,00%. Para primeira contagem, os resultados foram: 1º tratamento = 15,00%; 2º = 22,00%; 3º = 24,50% e 4º = 30,50%. Os tratamentos em que foram acrescentados o ácido giberélico demonstraram-se efetivos no aumento de vigor das sementes (primeira contagem), pois os resultados foram significativamente maiores que no controle (com tegumento e sem GA), sendo que para germinação, o tratamento mais efetivo foi o 4º, sem tegumento e com GA, podendo ser esse o utilizado para melhoria da qualidade fisiológica das sementes de crambe.

Palavras-chave: germinação; giberelina; vigor.

Agradecimentos: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.



BROMELIACEAE JUSS. NO NÚCLEO CURUCUTU, PARQUE ESTADUAL SERRA DO MAR, SÃO PAULO, BRASIL

Marcio de Melo Leodegario^{1,*}, Paulo Affonso²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Herbário do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Brasil.²Universidade Santo Amaro, São Paulo, SP, Brasil.

*ma_r_o@hotmail.com

Bromeliaceae Juss. está entre uma das maiores famílias neotropicais com 78 gêneros e mais de 3.646 espécies. O Brasil apresenta a maior diversidade, com 51 gêneros e 1401 espécies, presentes em todos os biomas, desde florestas úmidas até ambiente xéricos. A família possui grande importância ecológica, propiciando diversas interações com a fauna, flora e outros organismos, além disso apresenta diversificado uso como medicinal, ornamental, alimentício, entre outros. Como a maior parte de suas espécies apresenta potencial ornamental, suas populações naturais vem declinando, espécies foram extintas e muitas outras encontram-se ameaçadas de extinção devido, em boa parte, ao extrativismo, colocando assim, esse precioso patrimônio genético em risco. A existência de Unidades de Conservação, como o Parque Estadual Serra do Mar, é uma esperança para a preservação de espécies ameaçadas. O parque é a maior área contínua de preservação da Mata Atlântica do Brasil, e está dividido em núcleos administrativos, sendo o núcleo Curucutu um deles. O Curucutu possuiu uma área total de 37.512 hectares, incluindo os municípios de São Paulo, Itanhaém, Juquitiba e Mongaguá, com vegetação predominante de campos nebulares e matas de altitude. Conta com uma rica fauna e flora, além de proteger importantes nascentes e mananciais. O objetivo deste trabalho foi o levantamento de Bromeliaceae nesta área, através de coletas e identificações, utilizando chaves para a família, bem como por comparação com materiais depositados em acervos botânicos. Até o presente momento foram identificadas 43 espécies em 12 gêneros, são eles *Aechmea* Ruiz & Pav., *Ananas* Mill., *Billbergia* Thunb., *Canistropsis* (Mez) Leme., *Edmundoa* Leme., *Dyckia* Schult. & Schult.f., *Nidularium* Lem., *Quesnelia* Gaudich., *Racinaea* Spencer & L.B. Sm., *Tillandsia* L., *Vriesea* Lindl. e *Wittrockia* Lindm. Os gêneros mais representativos foram *Vriesea* Lindl. com 20 spp., *Aechmea* Ruiz & Pav. e *Tillandsia* L. ambas com quatro espécies. Já os gêneros *Edmundoa* Leme, *Dyckia* Schult. & Schult.f., *Racinaea* M.A.Spencer & L.B.Sm e *Wittrockia* Lindm., são os menos representativos, ambos com uma espécie. O núcleo abriga algumas espécies com uma ampla distribuição pelo país como *Nidularium innocentii* Lem., e *Vriesea incurvata* Gaudich., bem como outras espécies em risco de extinção como *Vriesea Hieroglyphica* (Carrière) E.Morren e *Canistropsis microps* (E.MorrenexMez) Leme., assim mostrando a importância da preservação dessa área.

Palavras-chave: Bromeliaceae, Conservação, Mata Atlântica.

Agradecimentos: Ao Instituto Florestal e a equipe do Núcleo Curucutu.



ÉPOCA DE FLORESCIMENTO DAS ESPÉCIES DE *Tillandsia* L. (Bromeliaceae) PARA O ESTADO DA BAHIA

Marcio de Melo Leodegario^{1,*}, LidyanneYurikoSaleme Aona¹, Maria das Graças Lapa Wanderley², Fernanda Vidigal Duarte Souza³, Everton Hilo de Souza¹

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Herbário do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Brasil. ²Instituto de Botânica, São Paulo, SP, Brasil. ³EmbrapaMandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA, Brasil. *ma_r_o@hotmail.com

O gênero *Tillandsia* L. tem grande representatividade na Bahia e ao realizar o trabalho sobre a sinopse do gênero para o estado, dados sobre a floração das espécies foram observadas. Os estudos sobre a época do florescimento são fundamentais para estratégias de conservação e reprodução, além de possibilitar cruzamentos controlados para produção de híbridos. Diante do exposto, esse trabalho teve como objetivo avaliar a época de florescimento de 25 espécies de *Tillandsia* L. ocorrentes na Bahia, Brasil. A época de florescimento foi determinada em populações naturais durante as atividades de campo, em plantas de cultivo no Banco de Germoplasma de Bromélia da Embrapa Mandioca e Fruticultura, assim como dados de exsicatas. De forma geral não existe um padrão de florescimento entre as espécies de *Tillandsia*. *Tillandsia loliacea* Mart. ex Schult. & Schult.f., *T. stricta* Sol., *T. tenuifolia* L. e *T. polystachia* (L.) L. apresentam florescimento durante todo o ano, com pico de florescimento nos meses de agosto, setembro e outubro. As espécies, *T. candida* Leme. (agosto e setembro), *T. grasmogolensis* Silveira. (maio), *T. hofackeri* Ehlers. e *T. Itatiensis* E.H.Souza & Leodegario. apresentaram florescimento apenas nos meses de setembro e outubro. *Tillandsia linearis* Vell., *T. usneoides* (L.) L. e *T. recurvata* (L.) L. florescem apenas no verão nos meses de dezembro, janeiro, fevereiro e março. *Tillandsia pruinosa* Sw., *T. milagrensis* Leme., *T. chapeuensis* Rauh. e *T. tricholepis* Baker. florescem nos meses de agosto, setembro e outubro e *T. geminiflora* Brongn., *T. globosa* Wawra., *T. gardneri* Lindl., e *T. juncea* (Ruiz & Pav.) Poir. se estendem também para o mês de novembro. Um maior período de florescimento foram observados em *T. bulbosa* Hook.f. (fevereiro a setembro), *T. streptocarpa* Baker. (abril a novembro), *T. paraensis* Mez. e *T. pohliana* Mez. (dezembro a maio). Já a *T. didisticha* (E.Morren) Baker. e *T. heubergeri* Ehlers. apresentam um florescimento desuniforme com plantas florescendo em janeiro, abril e pico de florescimento nos meses de julho a outubro. Por meio dessas observações pode-se inferir que algumas espécies são influenciadas principalmente pela estação do ano, algumas florescendo nos meses mais quentes e outras nos meses mais frios, independente se foram plantas avaliadas em campo, *ex situ* ou por exsicatas no herbário. A partir desses estudos pode-se traçar uma estratégia de reprodução, cruzamentos controlados e coleta de sementes além de realizar hibridações entre as espécies para obtenção de híbridos superiores com potencial ornamental.

Agradecimentos:(FAPESB, CAPES/ PNPd, CAPES/ PROCAD, UFRB e EMBRAPA).

Palavras-chave:Bromeliaceae, Tillandsioideae, Reprodução, Conservação.



DISTÂNCIA E PADRÕES DE DISPERSÃO DE PÓLEN EM JENIPAPO (*Genipa americana* L.) UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES

Marília Freitas de Vasconcelos Melo¹; Alexandre Magno Sebbenn²; Bruno Cesar Rossini³; Celso Luís Marino³; Ana Veruska Cruz da Silva⁴; Mario Luiz Teixeira de Moraes⁵

¹Campus de Engenharias e Ciências Agrárias -UFAL. ²Instituto Florestal de São Paulo -IFSP. ³Instituto de Biociências de Botucatu- UNESP. ⁴Embrapa Tabuleiros Costeiros - CPATC. ⁵ Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP. *E-mail: mariliafvm@yahoo.com.br

A crescente exploração desordenada dos recursos naturais tem contribuído de forma negativa para a manutenção da biodiversidade. Estudos genéticos populacionais são fundamentais para a formulação de estratégias de manejo e conservação de espécies arbóreas. São inúmeras as espécies que necessitam de estudos nessa linha, portanto algumas devem ser priorizadas por apresentar importância tanto ecológica quanto sócio econômica, como é o caso do jenipapo (*Genipa americana*). Este estudo investigou a distância e os padrões de dispersão de pólen em uma população natural, utilizando sete locos microssatélites para propor estratégias de coleta de sementes para a conservação *ex situ*. O estudo foi realizado em uma área de transição entre Mata Atlântica e Caatinga, no município de Arauá, Sergipe. Tecidos foliares e sementes foram coletados de 30 árvores matrizes, totalizando 488 amostras. As análises de dispersão de pólen foram realizadas utilizando o programa POLDIST. Como não se conhece a densidade efetiva de árvores polinizadoras (macho), utilizou-se o módulo de Kindist, que não depende de um conhecimento prévio dessa densidade. Os parâmetros estimados mais importantes foram a forma da curva de dispersão (b), a média e o desvio padrão da distância de dispersão de pólen. A correlação linear entre a correlação de paternidade e a distância entre as árvores matrizes foi negativa e mostrou uma tendência decrescente com o aumento da distância entre elas, estabilizando com a distância aproximada de 400 m. Portanto, foi possível estimar a curva da distância média de dispersão do pólen na população. Utilizando o modelo de dispersão exponencial forte, a forma da curva de dispersão (b= 0,415) indicou que o pólen é disperso a longas distâncias, mas a maior frequência de dispersão ocorre a curtas distâncias, com distância média de $179 \pm 18,9$ m ($\pm$ desvio padrão), seguindo um padrão de isolamento por distância. Estes resultados indicam que para diminuir a probabilidade de coletar sementes de diferentes árvores, mas originadas de mesmo parental paterno, a distância mínima para coleta de frutos entre árvores matrizes deve ser de 400 m.

Palavras-chave: árvores matrizes, genética de populações, dispersão de pólen

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, pela concessão da bolsa de doutorado referente ao Processo FAPESP nº2013/19444-6 e Embrapa Tabuleiros Costeiros.



ELETROCONDUTIVIDADE E TESTE DO TETRAZÓLIO COMO MÉTODOS PARA AVALIAR A TOLERÂNCIA A DESSECAÇÃO DE SEMENTES DE *Eugenia pyriformis*

Guilherme Almeida Garcia Rodrigues^{1*}; Bruno Ganzo¹; Maycon Moraes¹; Poliana Lanzzarin¹; Neusa Steiner¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC).

*E-mail do autor apresentador: guilhermegarciax@gmail.com.

Eugenia pyriformis Cambess. é uma Myrtaceae arbórea nativa do sul do Brasil, que produz frutos carnosos que podem consumidos *in natura* ou utilizados na fabricação de bebidas e doces, além de possuir uma madeira dura que é empregada para produção de postes, estacas, lenha e carvão. Contudo, a produção em larga escala da espécie ainda é limitada, visto que suas sementes possuem curta longevidade e não podem ser armazenadas devido sua sensibilidade a dessecação. Uma das possíveis causas da sensibilidade é o dano de membrana que ocorre durante a dessecação das sementes, que leva à lixiviação de solutos (LS) durante a reidratação. Assim, a eletrocondutividade (EC) pode ser considerada um método rápido e eficaz para avaliar a qualidade fisiológica de sementes. Um outro método para avaliar a viabilidade de sementes é o teste do tetrazólio (TT), que indica a existência de atividade respiratória no tecido com o qual entra em contato. O objetivo deste trabalho foi analisar a eficácia dos métodos de EC e TT para avaliar o vigor de sementes de *E. pyriformis*, afim de auxiliar na identificação de lotes viáveis e facilitar a produção de mudas em larga escala. Sementes de *E. pyriformis* com 50% de conteúdo de água inicial foram dessecadas até 30, 25, 20, 15 e 10% em sílica gel. Três repetições de 20 sementes foram dispostas em rolos de papel Germitest e armazenadas em câmaras de germinação a 25°C e 12 h de luz durante 85 dias. Três repetições de 15 sementes foram colocadas em 50ml de H₂O destilada por 12 horas. Em seguida, utilizou-se um condutivímetro SensorData SD201 para medição da EC. Após este período, as sementes foram cortadas ao meio e colocadas em 10ml de solução de tetrazólio 1% durante 2 horas, a 35°C. Sementes não dessecadas de *E. pyriformis* apresentaram 85% de germinação, a qual diminuiu pela metade em 25% e para menos de 5% em níveis menores de água. A EC aumentou significativamente em relação a semente madura a partir de 20%, corroborando com a perda da viabilidade. A LS é um indício comum da inviabilidade de sementes ou do estresse sofrido durante a embebição. Por sua vez, o TT apresentou resultados divergentes dos encontrados na germinação, no qual 40% das sementes apresentaram reação positiva em 20%. Isto demonstra a importância de se realizar o teste de germinação juntamente com o TT para *E. pyriformis*, visto que o mesmo pode superestimar a real qualidade fisiológica das sementes. Os resultados indicam que o teste de EC é mais confiável para *E. pyriformis*, associando o aumento de lixiviação com a morte das sementes.

Palavras-chave: recalcitrante; germoplasma; uvaia.

Agradecimentos: FAPESC, CAPES, CNPq.



INIBIDORES DE ÁCIDO FOSFATÍDICO AUMENTAM A TOLERÂNCIA A DESSECAÇÃO DE SEMENTES DE *Eugenia astringens*

Guilherme Almeida Garcia Rodrigues^{1*}; Danielle da Silva¹; Neusa Steiner¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC).

*E-mail do autor apresentador: guilhermegarciax@gmail.com.

Eugenia astringens Cambess. é uma Myrtaceae não domesticada, nativa e endêmica da Mata Atlântica, restrita à restinga litorânea. Sementes de *E. astringens*, assim como 50% das espécies de ecossistemas tropicais, são consideradas sensíveis à dessecação (SD) e não podem ser armazenadas de maneira convencional. Uma das causas da perda da viabilidade de sementes SD é a desestabilização das membranas celulares que ocorre a partir da mudança na constituição de fosfolipídios durante a dessecação. O aumento descontrolado de ácido fosfatídico (AF), causado pela atividade de enzimas fosfolipase-D (FLD), predispõe à lixiviação da membrana, levando à falha e morte celular. Neste trabalho, verificamos o efeito de inibidores de AF na tolerância à dessecação de sementes de *E. astringens*. Sementes com conteúdo inicial de água de 50% foram embebidas por 24h em água destilada (H₂O), ácido abscísico (ABA), N-aciletanolamina (NAE 12:0) ou 1-butanol, ou não embebidas, e então dessecadas até 20%. Em seguida, quatro repetições de 30 sementes foram dispostas em rolos de papel Germitest e incubadas em câmaras de germinação a 25 °C e 12h de luz. Sementes embebidas em H₂O levaram 170h para atingir 20%, enquanto sementes embebidas em 1-butanol, NAE, ABA e não embebidas levaram 214, 234, 262 e 294h, respectivamente. Após 100 dias de avaliação, sementes não tratadas apresentaram 100% de germinação, enquanto apenas 10% das sementes não embebidas e dessecadas germinaram. Sementes previamente embebidas apresentaram um aumento significativo na germinação, sendo que em H₂O e 1-butanol 60 e 50% das sementes germinaram, seguidos por ABA e NAE, com 31 e 23% de germinação, respectivamente. Acredita-se que o aumento da tolerância a dessecação causado pela embebição em H₂O tenha relação com a diminuição no tempo de dessecação, evitando o acúmulo exacerbado de dano físico e oxidativo na semente à níveis irreversíveis. Por sua vez, sugerimos que a melhora na germinação de sementes embebidas em 1-butanol deve-se à capacidade que o composto tem de inibir a formação de AF por qualquer isoforma de FLD, evitando a desestabilização de membranas. Em níveis menores, observou-se o mesmo para ABA, que possui relação com a indução de genes que levam à tolerância a dessecação em sementes, e para NAE, que é responsável por inibir a atividade de apenas uma enzima FLD. Os resultados sugerem que a embebição com inibidores de AF é capaz de aumentar a tolerância à dessecação e o tempo em que as sementes permanecem viáveis, sendo potenciais compostos para auxiliar na preservação ex-situ de sementes de espécies SD.

Palavras-chave: recalcitrante; germoplasma; membrana celular.

Agradecimentos: FAPESC, CAPES, CNPq.



DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE *EUTERPE PRECATORIA* MART. EM POPULAÇÕES NATURAIS DA AMAZÔNIA

Cheila Deisy Ferreira¹; Jéssica Cristina Barbosa Ferreira¹; Frederico Henrique da Silva Costa²; Hugo Teixeira Gomes³; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso³; Anderson Marcos de Souza¹; Jonny Everson Scherwinski-Pereira³

¹Universidade de Brasília. ²Universidade Federal do Acre. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor apresentador: cheiladeisy@yahoo.com.br.

Euterpe precatoria Mart. é uma palmeira da Floresta Amazônica conhecida em função das propriedades nutricionais dos seus frutos. Apesar do seu potencial socioeconômico, seu perfil de exploração é basicamente extrativista, o que pode comprometer as populações naturais, ocasionando declínio da diversidade e variabilidade genética. Nesse sentido, são importantes estudos relacionados à caracterização da estrutura genética de suas populações em nível de diversidade, visando direcionar estratégias de coleta material para conservação de germoplasma e programas de melhoramento genético. Assim, avaliou-se a diversidade e estrutura genética de populações naturais de *E. precatoria* no estado do Acre com marcadores moleculares ISSR. Foram coletadas amostras foliares de indivíduos de três populações localizadas nos municípios de Plácido de Castro, Xapuri e Feijó. Em seguida, o DNA das amostras foi extraído pelo método CTAB, amplificado via PCR e submetido à eletroforese em gel de agarose. Testaram-se 57 *primers* ISSR aleatórios, dos quais 24 *primers* foram selecionados para as análises. Calcularam-se os parâmetros diversidade genética de Nei (He) e índice de Shannon (I) com auxílio do programa POPGENE. O comportamento da diversidade genética dentro e entre as populações foi estimada por análise de variância molecular (AMOVA) via programa ARLEQUIN v.3.1. Estimou-se também o Coeficiente de Coancestria genética. Os índices He e I alcançaram valores médios de 0,11 e 0,17 para as três populações. Segundo AMOVA a maior diversidade genotípica aconteceu dentro das populações (77%) e entre as populações (23%). Verificaram-se diferenças significativas ($p > 0,05$) nas três populações para as estimativas do Coeficiente de Coancestria. Conclui-se que as populações de *E. precatoria* possuem baixos níveis de diversidade genética, com maior divergência dentro delas. Esses resultados não eram esperados, principalmente, por se tratar de uma espécie alógama, e podem estar relacionados à pressão antrópica sobre essas populações; diminuição do fluxo gênico, pela ausência ou dificuldade dos agentes polinizadores e dispersores de sementes em virtude da fragmentação da vegetação; ou as populações poderem ser originadas por poucos genótipos. Verificou-se também ausência de padrão na estruturação da genética espacial dentro das populações, apresentando grande variação no coeficiente de coancestria, independente das classes de distâncias geográficas, o que indica endogamia.

Palavras-chave: Açaí; conservação; ISSR.

Agradecimentos: EMBRAPA, UnB, UFAC; CNPq.



DESSECAÇÃO *EX SITU* DE SEMENTES DE *EUTERPE PRECATORIA* MART.

Cheila Deisy Ferreira¹; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Jéssica Cristina Barbosa Ferreira¹; Frederico Henrique da Silva Costa³; Anderson Marcos de Souza¹; Jonny Everson Scherwinski-Pereira²

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

³Universidade Federal do Acre. *E-mail do autor apresentador: cheiladeisy@yahoo.com.br.

E. precatoria é uma palmeira da Amazônia com alto potencial alimentício. Contudo, o caráter extrativista da espécie pode provocar declínio de populações e redução da variabilidade genética. Nesse sentido, estudos relacionados à fisiologia das sementes são cruciais para subsidiar programas de melhoramento genético e conservação *ex situ* da espécie. Assim, avaliou-se o efeito da dessecação sobre a germinação e vigor de sementes e embriões de *E. precatoria*. Para tal, foram coletados frutos de populações naturais do município de Plácido de Castro, Acre, e as sementes oriundas destes foram dessecadas por sete períodos (0, 24, 48, 96, 120, 168 e 216 h). Para isso, elas foram colocadas no interior de dessecadores de vidro, com sílica gel. O teor de umidade após cada período foi determinado pelo método de estufa, utilizando-se três amostras de 10 sementes/tratamento. Após cada período, as sementes foram submetidas à germinação via sementes e via embriões zigóticos *in vitro*. A germinação das sementes foi conduzida em caixas plásticas tipo gerbox, com papel germitest, acondicionadas em câmara incubadora, à 25±1 °C. Para germinação *in vitro* dos embriões zigóticos, os mesmos foram inoculados em tubos de ensaio com meio de cultura Y3 (Eeuwens), 30 g.L⁻¹ de sacarose, 2,5 g.L⁻¹ de carvão ativado e 2,2 g.L⁻¹ de Phytigel e mantidos à 25±2 °C. Avaliaram-se os percentuais de germinação (a cada dois dias, por 60 dias) e o Índice de Velocidade de Germinação (IVG). A emissão de raiz e expansão da lígula foram considerados critérios para germinação. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, com sete tratamentos (tempos de dessecação), com três repetições de 10 sementes ou 10 embriões zigóticos. As sementes manifestaram sensibilidade à dessecação, com valores críticos de germinação e de IVG (vigor) obtidos ao atingirem a umidade de 16,8% (120 h). Nessa umidade, foram observados 30% de germinação e IVG de 0,8 na germinação convencional e 20% de germinação e IVG de 1,5 na germinação *in vitro*. Já as umidades de 12,0 (168 h) e 9,0% (216 h) ocasionaram efeitos letais à germinação, independentemente do sistema de germinação. Para o IVG, os maiores valores foram obtidos quando as sementes não foram dessecadas (28,4% de umidade), com valores máximos de 2,8 para germinação convencional e 4,27 para germinação *in vitro*. Os resultados indicam comportamento recalcitrante das sementes de *E. precatoria*. Tais informações subsidiarão o desenvolvimento de estratégias de conservação dessa espécie.

Palavras-chave: Açai; sementes; conservação.

Agradecimentos: EMBRAPA, UnB, UFAC; CNPq.



ANÁLISE BROMATOLÓGICA E COMPOSIÇÃO QUÍMICA E FIBROSA DA SILAGEM DE TRITICALE (X. *Triticosecale wittmack*) EM SUBSTITUIÇÃO À SILAGEM DE SORGO

Renan Guilherme Mota¹; Leandro das Dores Ferreira da Silva².

¹ Médico Veterinário de Campo; E-mail: renangmota18@gmail.com

² Universidade Estadual de Londrina.

Resumo

As características climáticas do sul do Brasil convergem para a ocorrência de duas estações definidas e com condições temporais opostas, sendo o verão a estação quente e chuvosa enquanto o inverno apresenta uma fase mais fria e seca. Há maior disponibilidade e variabilidade de forragens tropicais no verão, e em contrapartida são almejadas alternativas de volumosos para o período seco, quando ocorre menor oferta das forrageiras adaptadas ao período das águas. A fase de inverno nessa região permite o uso de gramíneas temperadas e fontes volumosas características de temperaturas mais baixas. Partindo dessa possibilidade, o triticale, por se tratar de uma forrageira temperada de boa resistência a seca e de características importantes para a exploração pecuária, foi escopo dessa pesquisa, para promover uma alternativa de alimentação volumosa para ruminantes na forma de silagem, comparando seus parâmetros à já tradicional silagem de sorgo. Foram avaliadas diferentes frações de substituição (0%; 25%; 50%; 75%; e 100%), partindo de uma dieta somente com silagem de sorgo até a substituição total e utilização somente da silagem de triticale como fonte volumosa. As silagens foram produzidas na Unidade de Nutrição de Ruminantes (UNER) pertencente a Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina (FAZESC-UEL). A análise bromatológica e a avaliação da equação de regressão entre os diferentes níveis de substituição apresentaram fatores positivos para a substituição em até 100% do sorgo pelo triticale. As amostras permitiram avaliar características favoráveis em relação ao uso dessa silagem, demonstrando valores superiores em Matéria Seca (MS), Proteína Bruta (PB) e Matéria Mineral (MM), e inferiores nos teores de Fibra em Detergente Neutro (FDN) e Fibra em Detergente Ácido (FDA) em comparação à silagem de sorgo ($P < 0,001$). Por conseguinte, foi possível observar que a silagem de triticale apresenta-se como uma ótima alternativa de fonte volumosa para a nutrição de bovinos, podendo substituir a silagem de sorgo inclusive em totalidade na dieta.

Palavras-chave: Forrageira; Nutrição; Ruminantes.



USO DE MEIO LÍQUIDO NA MULTIPLICAÇÃO DE CALOS EMBRIOGÊNICOS DE *COCOS NUCIFERA* L.

Giuliano Carvalho Frugeri¹; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Sueli Maria Gomes¹; Jonny Everson Scherwinski-Pereira²

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor apresentador: giuliano.frugeri@ifgoiano.edu.br

Cocos nucifera L. é uma palmeira com alto potencial econômico devido aos seus múltiplos usos. Contudo, a cultura enfrenta, mundialmente, diminuição da produtividade agrícola, em função do envelhecimento de plantações em campo, estresses abióticos e bióticos e a não disponibilidade de mudas de qualidade para o setor produtivo. Assim, visando o aumento de produtividade e competitividade, é fundamental que se desenvolvam ferramentas de propagação vegetativa eficientes para a produção de mudas de elevada qualidade, como a embriogênese somática, a rota mais utilizada para esse fim em palmeiras. Este trabalho objetivou otimizar a etapa de multiplicação de calos embriogênicos oriundos de plúmulas de *C. nucifera* visando aumentar a eficiência da propagação via embriogênese somática da espécie. Fragmentos de calos potencialmente embriogênicos oriundos de plúmulas foram transferidos para frascos Erlenmeyer com dois meios de cultura: MS (Murashige e Skoog) ou Y3. Foram adicionados aos meios, 30 g/L de sacarose, 4,52 μ M de ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) e eles foram mantidos sob agitação de 120 rpm. Por um período entre 30 e 120 dias, calos foram retirados de cada um dos meios e inoculados em meio Y3 com os mesmos componentes supracitados, além de 600 μ M de 2,4-D e 2,5 g/L de Phytigel. Após 120 dias de cultivo neste último meio, avaliou-se o número de estruturas globulares embriogênicas (EGE) formadas sobre os calos iniciais. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial (2 x 4), considerando duas formulações salinas (MS e Y3) e quatro tempos de cultivo em meio líquido (30, 60, 90 e 120 dias), com 12 repetições/tratamento. Cada calo oriundo dos meios líquidos foi considerado como uma repetição. Após a transferência dos calos que estavam em meio líquido para o meio semissólido, foi observado entre 30 e 40 dias a formação de EGE individualizadas. Para a variável número de EGE/calco, não foram verificadas diferenças entre os meios de cultivo testados, com valor médio de 12,1. Já ao analisar o efeito do tempo de cultivo em meio líquido sobre essa variável, os tempos 30 e 90 dias não apresentaram diferenças estatísticas entre si e foram estatisticamente superiores aos demais, com valor médio de 18,1 EGE/calco. Conclui-se que o uso de meio líquido, independentemente da formulação salina, permite que calos embriogênicos de *C. nucifera* sejam multiplicados eficientemente quando mantidos por até 90 dias e transferidos subsequentemente para meio semissólido.

Palavras-chave: Aceraceae; micropropagação; meio líquido.

Agradecimentos: EMBRAPA, UnB, Ana da S. Ledo e Semiramis Rabelo R. Ramos (Embrapa Tabuleiros Costeiros).



EFEITO DO TEMPO DE ARMAZENAMENTO DO EMBRIÃO ZIGÓTICO, FONTE DE PLÚMULAS, NA INDUÇÃO DE CALOS DURANTE EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA DE *COCOS NUCIFERA* L.

Giuliano Carvalho Frugeri¹; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Sueli Maria Gomes¹; Jonny Everson Scherwinski-Pereira²

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor apresentador: giuliano.frugeri@ifgoiano.edu.br

Cocos nucifera L. é uma palmeira multipropósito, com destaque para o seu uso alimentício. Todavia, nas últimas décadas, a ocorrência de pragas e doenças tem afetado a produção e longevidade dos seus plantios. Nesse sentido, o desenvolvimento de métodos eficientes de propagação clonal, como a embriogênese somática (ES), é uma alternativa à propagação de genótipos de alto rendimento, resistentes a doenças e com qualidade fitossanitária, além de ser uma importante ferramenta para programas de melhoramento genético da espécie. Na maioria dos protocolos, plúmulas têm sido usadas como explantes para o desenvolvimento da ES, sendo a formação de calos um pré-requisito para o desenvolvimento da rota. Neste trabalho, objetivou-se avaliar a influência do tempo de armazenamento de embriões zigóticos, fonte de plúmulas usadas para a indução de calos, sobre a responsividade calogênica. Embriões zigóticos foram armazenados em geladeira ($5\pm 2^{\circ}\text{C}$) por 1, 2, 3, 15, 25 e 35 dias. Após armazenamento, as plúmulas foram extraídas e inoculadas em meio de indução de calos formado por sais do meio Y3, acrescido de 30 g/L de sacarose, 2,5 g/L de carvão ativado e 600 μM do ácido 2,4-diclorofenoxiacético e mantidas no escuro, à $25\pm 2^{\circ}\text{C}$. Nestas condições, os materiais permaneceram por até 120 dias, com subcultivos realizados a cada 40 dias. Aos 90 dias de cultivo, avaliaram-se os percentuais de formação de calo, de calos com viabilidade embriogênica (calos compactos ou semifráveis com estruturas globulares embriogênicas - EGE) e de calos oxidados. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, com seis tratamentos (tempos de armazenamento dos embriões zigóticos), com quatro repetições com cinco plúmulas cada. Aos 15 dias de cultivo, observaram-se calos na superfície da maioria das plúmulas, independentemente do tempo de armazenamento dos embriões zigóticos. Aos 60 dias, verificaram-se a formação de várias EGE. Aos 90 dias, os calos apresentavam maior volume e maior número de EGE. Para as variáveis taxa de formação de calo, viabilidade embriogênica e oxidação, considerando os diferentes tempos de inoculação, não foram observadas diferenças estatísticas, com valores médios de 95%, 42,5% e 18,3%, respectivamente. Logo, o tempo de inoculação da plúmula, após a chegada dos embriões zigóticos, considerando um limite de até 35 dias, não é um fator limitante à formação de calos e à viabilidade embriogênica dos calos formados a partir delas.

Palavras-chave: Coqueiro; propagação clonal; calogênese.

Agradecimentos: EMBRAPA, UnB, Ana da S. Ledo e Semiramis Rabelo R. Ramos (Embrapa Tabuleiros Costeiros).



O GÊNERO *Tillandsia* L. NO BANCO DE GERMOPLASMA DE BROMÉLIA E UMA NOVA ESPÉCIE PARA A BAHIA, BRASIL

Everton Hilo de Souza^{1*}; Márcio de Melo Leodegario¹; Brayan Paiva Cavalcante²; Flávio Batista de Oliveira³; Nathan Miranda Gazineu David⁴; João Paulo Rodrigues Martins⁵; Lidyanne Yuriko Saleme Aona¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza⁶

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ² Centro e Energia Nuclear na Agricultura; ³ Centro Universitário de Rio Preto; ⁴ Universidade Estácio de Sá; ⁵ Universidade Federal do Espírito Santo; ⁶ Embrapa Mandioca e Fruticultura. * hilosouza@gmail.com

O Banco de Germoplasma de Bromélia (BGB Bromélia) está estabelecido na Embrapa Mandioca e Fruticultura e possui, atualmente, 1.187 acessos oriundos de todos os biomas do Brasil e algumas espécies do exterior. Devido a importância da família Bromeliaceae no equilíbrio dos ecossistemas, assim como dos seus vários usos, como na alimentação, na produção de fibras, em plantas ornamentais, medicamentos, dentre outros, a conservação das espécies pertencentes a esta família é de alta relevância. A coleção foi estabelecida em 2008 por meio de coletas, doações e está aberta a receber acessos de outras localidades e é resultado de uma colaboração entre a Embrapa Mandioca e Fruticultura e a Pós-graduação de Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *Tillandsia* pertence a subfamília Tillandsioideae e é o gênero mais representativo da família Bromeliaceae, composto por ca. 751 espécies, dentre as quais é possível encontrar plantas rupícolas, terrestres, epífitas e saxícolas. No Brasil ocorrem 86 espécies, das quais, mais da metade são endêmicas ou microendêmicas. O BGB Bromélia conta atualmente com 50 espécies e 77 acessos de *Tillandsia*, sendo 55% advindos de doação e 45% de coletas. O estado de maior representatividade de espécies é a Bahia com 53%, seguido de São Paulo 18%, Minas Gerais 11%, Rio de Janeiro 6% e representantes de Goiás, Pará, Paraíba, Rio Grande do Sul, Santa Catarina além de oito espécies do Exterior (*T. butzii*, *T. caput-medusae*, *T. duratii*, *T. ehlersiana*, *T. fasciculata*, *T. funckiana*, *T. ionantha* e *T. standleyi*). Em relação ao estado de conservação do gênero presentes no BGB Bromélia, *T. neglecta* é considerada 'Criticamente Ameaçada', *T. araujei* 'Em Perigo', *T. heubergeri* e *T. milagrensis* como 'Vulnerável'. A partir das expedições de coleta, foi possível descrever *Tillandsia itatiensis* sp. nova E.H.Souza & Leodegario, recém-descrita do bioma Caatinga, pertencente ao município de Itatim, Bahia, Brasil. *Tillandsia itatiensis* se assemelha a *T. streptocarpa* e *T. grao-mogolensis* e difere destas, principalmente, pelo hábito caulescente, caule curvo, inflorescência simples com no máximo cinco flores por inflorescência e estigma simples-ereto. A espécie ocorre em inselbergs da Caatinga, onde foi categorizada como "Criticamente Ameaçada" de extinção devido a sua pequena distribuição e extrativismo humano. O grande potencial ornamental que essas espécies possuem tem levado ao extrativismo e a redução populacional de várias espécies e ações de conservação *ex situ* são importantes, a exemplo na manutenção de Bancos de Germoplasma. Assim, o BGB Bromélia tem por finalidade a preservação, a promoção de estudos e pesquisas e divulgação de informações técnicas e científicas relativas à família Bromeliaceae.

Palavras-chave: Conservação; Poales; Tillandsioideae.

Agradecimentos: CAPES/PNPD/UFRB, CAPES/PROCAD, FAPESB, CNPMF e CNPq.



GERMINAÇÃO IN VITRO DE *Dyckia Burchelli* Baker (BROMELIACEAE)

Gabriel Mamédio de Freitas^{1*}; Sergio Tadeu Sibov²

¹Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO; ² Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Genética, Universidade Federal de Goiás, Goiânia- GO. * mamediofreitas@gmail.com

Dyckia burchelli Baker é uma espécie de bromélia nativa e endêmica do Brasil, sendo encontrada em estados das regiões Norte, Centro-Oeste e em campos rupestres e cerrado latu sensu. A espécie apresenta rusticidade quanto à forma, habito e substrato o que denota diferentes possibilidade para uso quanto a ornamentação, além de estar ameaçada pelo avanço agrícola em áreas nativas de Cerrado. Técnicas de cultura de tecidos vegetais possibilitam a produção de grande número de mudas e também podem auxiliar na conservação da espécie. O objetivo desse trabalho foi avaliar o efeito de diferentes meios de cultura na germinação in vitro de sementes *D. burchelli* como primeiro passo para o estabelecimento in vitro e conservação da espécie. Sementes foram obtidas na Reserva Biológica Prof. José Ângelo Rizzo, localizada na Serra Dourada, município de Mossâmedes – GO. A coleta foi realizada em 08/2019 em frutos secos. Sementes com danos no tegumento foram descartadas e as demais contadas e armazenadas em sacos de papel. Na assepsia, foram submetidas a uma pré-lavagem, com detergente comercial por 10 min sob agitação e, em seguida, imersas em álcool 70% por 3 min e depois em hipoclorito de sódio comercial (2,5 % de cloro ativo) por 30 min. Em seguida, em câmara de fluxo laminar, foram lavadas com água destilada autoclavada e inoculadas em meio de cultura. Para a germinação in vitro foram utilizados quatro tipos de meios de cultura: (1) MS; (2) MS com carvão ativado; (3) MS1/2 (com metade da concentração de macronutrientes) com carvão ativado; (4) água/sacarose/água. Foram utilizados 5 frascos por tratamento, cada frasco contendo 5 sementes. A germinação foi avaliada durante 3 semanas e os tratamentos comparados por análise de variância ANOVA. O início da germinação (com a observação da protusão da radícula) ocorreu sete dias após a instalação do experimento, com todos os tratamentos apresentando pelo menos uma semente germinada. Ao final da terceira semana, os tratamentos não apresentaram diferenças significativas quanto ao tipo de meio na germinação in vitro. As taxas de germinação obtidas foram: 100% para MS; 95,24% para MS1/2 + carvão ativado; 86,64% para MS + carvão ativado e 72,7% para água/sacarose.

Palavras-chave: cultura de tecidos, Cerrado, bromélias nativas.

Agradecimentos: Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de plantas da Universidade Federal de Goiás- PPGGMP-UFG, CAPES, CNPq.



GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Acca sellowiana* (O. Berg) Burret SOB DÉFICIT HÍDRICO

Vanessa Miranda^{1*}; Neusa Steiner¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Departamento de Botânica, Laboratório de Fisiologia Vegetal. *vanessa.miran94@gmail.com

Acca sellowiana (O. Berg) Burret é uma Myrtaceae nativa em estado de domesticação incipiente e com atributos voltados para a produção alimentar e nutracêutica. A espécie se distribui naturalmente na Floresta Ombrófila Mista (FOM), região que sofrerá com a irregularidade de chuvas nas próximas décadas. Focando no uso e na conservação da feijoa, uma parceria entre Epagri e UFSC resultou no lançamento da variedade brasileira 'Helena' em 2007. Considerando que a germinação é um dos processos mais sensíveis às mudanças climáticas, trazendo consequências diretas para a recuperação e dinâmica das comunidades florestais, avaliamos o comportamento de sementes de *A. sellowiana* expostas ao déficit hídrico durante a germinação. Comparamos sementes da variedade Helena às de uma população natural (PN) da Serra Catarinense. Os frutos de 'Helena' foram coletados na Estação Experimental da Epagri de São Joaquim/SC e os frutos da PN em uma área de FOM em Paineira/SC. O déficit hídrico durante a germinação foi simulado através de soluções de PEG 6000 nos potenciais osmóticos de 0, -0.1, -0.2, -0.3, -0.4, -0.8 e -1.2 MPa. Avaliamos a dinâmica de germinação, a porcentagem de germinação, o índice de velocidade de germinação (IVG) e o tempo médio de germinação (TMG). 'Helena' manteve 100% de germinação entre 0 e -0.3 MPa, enquanto que a PN apresentou 76.7% de germinação em 0 MPa, decaindo progressivamente até chegar em 16.7% em -0.4 MPa. A PN não apresentou germinação nos potenciais osmóticos de -0.8 e -1.2 MPa. 'Helena' manteve-se acima de 90% de germinação até -0.8 MPa, com grande queda no tratamento de -1.2 MPa, quando a variedade atingiu 26.7% de germinação. A variedade Helena apresentou maior vigor para todos os potenciais osmóticos analisados. Os valores de IVG observados para 'Helena' variaram entre 1 em 0 MPa e 0.1 em -1.2 MPa. Já na PN, o IVG iniciou em 0.3 para 0 MPa, chegando a 0.03 em -0.4 MPa. O TMG apresentou grande variação entre as amostras já no controle de 0 MPa, com 7.1 dias para 'Helena' e 29.8 dias para a PN. O TMG foi inversamente proporcional ao potencial osmótico, que alcançou 49.3 dias para PN em -0.4 MPa e 53 dias para 'Helena' em -1.2 MPa. Estes resultados indicam uma maior tolerância das sementes de 'Helena' ao déficit hídrico durante a germinação quando comparada a PN analisada; também evidenciam a importância das variedades lançadas não apenas para a fruticultura comercial em Santa Catarina, mas também para a conservação da espécie e de seu ecossistema atualmente degradado.

Palavras-chave: Feijoa; Estresse Osmótico; Floresta Ombrófila Mista.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e Epagri.



EFICIÊNCIA NA PROPAGAÇÃO *IN VITRO* DE GEMAS AXILARES DE GENITORES DE MARACUJAZEIROS (*Passiflora edulis* Sims) UTILIZADOS NA PRODUÇÃO DE SEMENTES

Elias da Cruz Ribeiro¹; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Jonny Everson Scherwinski-Pereira³

¹Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Av. General Rodrigo Octávio, 6200, Coroado, Manaus – Amazonas, CEP: 69080-900. Brasil.^{2,3}Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, PqEB, Av. W5 Norte, Brasília - Distrito Federal, CEP: 70770-917. Brasil. *E-mail do autor apresentador: elias.cruz9628@gmail.com.

O cultivo do maracujazeiro é bastante difundido nas regiões tropicais e subtropicais, podendo ser propagado por sementes, estaquia ou enxertia. No Brasil, a espécie *Passiflora edulis* Sims é uma das mais cultivadas. No entanto, o produtor enfrenta obstáculos no seu cultivo, como suscetibilidade a pragas e doenças que afetam a produtividade. Neste sentido, a cultura de tecidos é uma alternativa para a conservação de material genético de interesse, além de permitir a multiplicação de elevadas quantidades de plantas através de um mínimo de material vegetal inicial. Neste trabalho objetivou-se avaliar a eficiência da multiplicação *in vitro* de cinco genótipos de *P. edulis* por meio de gemas axilares de plantas adultas. As gemas utilizadas foram derivadas de estacas oriundas de cinco genótipos previamente estabelecidos *in vitro*: CPMSC1, CPGA1, MR1, CPMGA2 e CPF1SSBR, genitores de híbridos interespecíficos produtores de sementes comercializadas pela Embrapa Cerrados. Gemas axilares de microestacas foram excisadas, inoculadas em meio de cultura de MS (Murashige e Skoog) acrescido de 4,45 µM de 6-Benzilaminopurina e mantidas à 25±2°C e 16 horas de fotoperíodo. Foram realizados três subcultivos mensais e uma avaliação ao final de cada subcultivo. Os explantes foram avaliados quanto ao número de gemas/explante e formação de calo. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial duplo composto por 15 tratamentos (5 genótipos e 3 subcultivos). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott ($p>0,05$). Verificou-se incremento do número de gemas/explante ao longo dos 3 subcultivos, com exceção do genótipo CPF1SSBR. Ao final do último subcultivo (90 dias), verificou-se que os genótipos CPGA1, MR1 e CPMGA2 apresentaram maior número de gemas, com valor médio de 5,7 gemas/explante. Já o genótipo CPF1SSBR exibiu o menor desempenho (1,4 gemas/explante). Alta formação de calos foi observada apenas no genótipo CPF1SSBR (60%). Com base nos resultados obtidos, conclui-se que a utilização de gemas para multiplicação de maracujazeiro é eficiente para quatro dos genótipos estudados (CPMSC1, CPGA1, MR1, CPMGA2), sendo necessários ajustes posteriores no protocolo para o genótipo CPF1SSBR.

Palavras-chave: Maracujazeiro; micropropagação; *in vitro*.

Agradecimentos: FAPEAM. CNPq. Embrapa Cerrados pela disponibilização do material propagativo.



ORGANOGENESE DE MARACUJAZEIROS (*Passiflora edulis* Sims) POR MEIO DA TÉCNICA TCL (*THIN CELL LAYER*)

Elias da Cruz Ribeiro¹; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Jonny Everson Scherwinski-Pereira³

¹Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Av. General Rodrigo Octávio, 6200, Coroado, Manaus – Amazonas, CEP: 69080-900. Brasil.^{2,3}Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, PqEB, Av. W5 Norte, Brasília - Distrito Federal, CEP: 70770-917. Brasil. *E-mail do autor apresentador: elias.cruz9628@gmail.com.

Passiflora edulis Sims é a espécie de maracujazeiro mais cultivada mundialmente, com destaque para o Brasil, considerado o maior produtor do fruto. Visando solucionar problemas como dificuldade de propagação e infecções virais, o cultivo *in vitro* tem sido considerado uma importante ferramenta para superar esses problemas. A multiplicação *in vitro* pode ser utilizada para estabelecimento de espécies de interesse utilizadas em programa de melhoramento genético e conservação de germoplasma. Dentre as diversas técnicas que podem ser aplicadas *in vitro*, a *Thin Cell Layer* (TCL) se destaca pela sua aplicabilidade diversa, podendo promover a obtenção de embriões somáticos, brotações, raízes, entre outros. Este trabalho teve por objetivo estabelecer um protocolo de organogênese via TCL de plantas de *P. edulis*. Para tanto, ramos com cerca de 15 cm foram coletados da coleção da Embrapa Cerrados, a partir de cinco genitores utilizados para a produção de sementes: CPMSC1, CPGA1, MR1, CPMGA2 e CPF1SSBR. Após desinfestação, os ramos foram seccionados transversalmente em segmentos com cerca de 1-2 mm e inoculadas em placas de Petri com meio de cultura de MS (Murashige e Skoog) suplementado com 4,45 μ M de 6-Benzilaminopurina. O material foi mantido na ausência de luz durante 7 dias à 25 $\pm$ 2°C e, posteriormente, mantido sob a mesma temperatura e 16 horas de fotoperíodo. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, com cinco tratamentos (genótipos) e três repetições de 20 explantes cada. Após 30 dias, os explantes foram avaliados quanto aos percentuais de formação de calo e de brotos organogênicos. Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando significativa, as médias foram comparadas pelo teste de Tukey ($p>0,05$). Não foram detectadas diferenças estatísticas entre os genótipos em relação à formação de calos e brotos organogênicos, com valores médios de 57,4% e 5,6%, respectivamente. Com base nestes resultados, conclui-se que a utilização da TCL pode ser uma técnica alternativa para a cultura do maracujazeiro, em especial para a fase de introdução *in vitro* dos genótipos testados. No entanto, faz-se necessário mais estudos analisando outros fatores que podem contribuir para melhoria das taxas de formação e alongamento de brotos organogênicos, como, por exemplo, a necessidade de suplementação com outros reguladores de crescimento.

Palavras-chave: Maracujazeiro; micropropagação; TCL.

Agradecimentos: FAPEAM. CNPq. Embrapa Cerrados.



CONSERVAÇÃO DE SEMENTES DE *Tillandsia* L. (Bromeliaceae)

Rafaelle Souza de Oliveira¹; Sandra de Oliveira Souza¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza²; Lidyanne Yuriko Saleme Aona¹; Everton Hilo de Souza¹

¹ Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ² Embrapa Mandioca e Fruticultura.

A manutenção de sementes em baixas temperaturas é uma alternativa viável para a conservação de espécies cuja densidade populacional vem sendo afetada por extrativismo predatório, mudanças climáticas, além do alto grau de endemismo, como ocorre em algumas espécies do gênero *Tillandsia* L. (Bromeliaceae). O objetivo do trabalho foi avaliar duas estratégias de conservação de sementes (freezer a -5 °C e criopreservação a -196 °C), em 20 espécies de *Tillandsia* ocorrentes na Bahia, visando a obtenção de um protocolo que possa garantir a conservação dessas espécies. Inicialmente foram avaliados o conteúdo de água e realizado ensaios de germinação e dessecação em sílica gel ativada por 3, 6, 9 e 12 horas. Após seleção do melhor resultado dos ensaios de germinação (papel Germitest e incubação a 30°C) e dessecação (3 h em sílica), foram estabelecidos os ensaios de conservação, utilizando-se dois ambientes (freezer a -5 °C e nitrogênio líquido a -196 °C). As avaliações foram realizadas diariamente durante 20 dias, e foi contabilizada a porcentagem de germinação e o índice de velocidade de germinação (IVG). A análise de variância evidenciou que as 20 espécies se comportaram de forma diferente entre si, a partir dos dois ambientes de conservação e ao longo das avaliações (1, 7, 30, 180 e 450 dias). Aos 450 dias pode-se observar uma redução na porcentagem de germinação e no IVG para todas as espécies estudadas quando as sementes foram conservadas em geladeira, chegando a ausência de germinação e IVG zero em *T. chapeuensis*, *T. globosa* e *T. stricta* 2. Dentre as espécies que não apresentaram diferença significativa, todas apresentaram germinação superior a 75% com uma média de 90%, exceto para *T. tricholepis* (45%) e *T. tenuifolia* (60%); estas últimas também apresentaram os menores IVGs (3 a 3,5), cujos valores gerais variaram entre 3 e 6. As menores porcentagens de germinação foram em *T. stricta* 2 (25%) e *T. tricholepis* (45%), independente da temperatura e tempo de avaliação. O menor IVG foi observado em *T. stricta* 2, com valor máximo de 2,5 aos 180 dias em nitrogênio líquido. O armazenamento em nitrogênio líquido é eficiente para a conservação de sementes de *Tillandsia*, quando dessecadas a um conteúdo de água de aproximadamente 7%. Nossos resultados consolidam o estabelecimento de um criobanco para *Tillandsia*, considerando, principalmente as espécies endêmicas e vulneráveis a extinção.

Palavras-chave: Bromélias; Criopreservação; Desidratação; Poales; Tillandsioideae.

Agradecimentos: UFRB, FAPESB, CAPES/PROCAD, CAPES/PNPD, CNPQ e CNPMPF.



DINÂMICA POPULACIONAL DE JABOTICABEIRAS EM DIFERENTES LOCAIS

Amanda Pacheco Cardoso Moura^{1*}; Moeses Andriago Danner¹; Bruna Valéria Gil¹, Yves Rafael Bovolenta²

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Campus Pato Branco. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Via do conhecimento, km 01, CEP 85503-390, Pato Branco, Paraná. ²Faculdade Pitágoras. Rua Edwy Taques Araújo, 1.100, Gleba Fazenda Palhano, CEP 86047-500, Londrina, Paraná. *amandapmoura@gmail.com

Estudos de regeneração natural em florestas são importantes para entender a dinâmica florestal, subsidiar ações de manejo florestal sustentável e a conservação de recursos genéticos. O objetivo deste trabalho foi estudar a dinâmica populacional de jaboticabeira [*Plinia peruviana* (Poir.) Govaerts)], em três remanescentes florestais. O experimento foi conduzido em Clevelândia (CL), Pato Branco (PB) e Vitorino (VT), em que ocorre colheita extrativista de jaboticabas. O histórico das áreas mostra que em CL nunca houve pastejo de gado e a roçada da vegetação do sub-bosque foi cessada há 15 anos do início da avaliação. Em PB ocorre pastejo de gado e roçada na área de copa das jaboticabeiras até atualmente. No jaboticabal em VT o pastejo de gado cessou há 20 anos e a roçada na área de copa ocorre até atualmente. Foram delimitadas doze unidades amostrais de 10 m², das quais, seis parcelas foram alocadas na área de copa das jaboticabeiras matrizes e seis parcelas distantes 5 m do limite da área de copa das matrizes. O levantamento dos dados ocorreu em três anos sequenciais, e seis meses antes e logo após a colheita de jaboticabas. Calculou-se os parâmetros de crescimento, sobrevivência e elasticidade através do modelo de projeção integral. Os valores da taxa finita de crescimento populacional (λ), foram de 0,97 em CL e 1,00 em PB e VT, indicando que os três jaboticabais possuem populações estáveis e com baixo crescimento. A probabilidade de sobrevivência de jaboticabeiras com altura < 0,3 m, nos três locais de estudo é de aproximadamente 65%, e aumenta até próximo aos 100% em indivíduos maiores que 1 m. O crescimento das jaboticabeiras foi pouco vigoroso, o que pode ser uma característica da espécie. Observou-se nos três locais de estudo lacunas na distribuição da altura das jaboticabeiras. A função de elasticidade indicou que todas as populações são sensíveis ao crescimento e/ou sobrevivência. A partir destes resultados aconselha-se a cessação do pastejo do gado e da roçada da vegetação regenerante na época da colheita, a fim de preservar as jaboticabeiras regenerantes e garantir o recrutamento entre classes de tamanho. Além disso, para desenvolver ações de conservação *in situ* e manejo efetivas, deve-se priorizar a sobrevivência da espécie.

Palavras-chave: *Plinia*; Conservação *in situ*; Crescimento.

Agradecimentos: A CAPES pela concessão de bolsa e ao Programa de Apoio à Pós-Graduação (PROAP).

Número de cadastro no SISGEN: A450C19.



VARIÁVEIS METEOROLÓGICAS PREDITORAS DA FENOLOGIA VEGETATIVA E REPRODUTIVA DE JABOTICABEIRA

Amanda Pacheco Cardoso Moura^{1*}; Moeses Andriago Danner¹; Bruna Valéria Gil¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Campus Pato Branco. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Via do conhecimento, km 01, CEP 85503-390, Pato Branco, Paraná. *amandapmoura@gmail.com

A fenologia é a ciência que estuda a frequência de eventos fenológicos e a relação destes com os elementos meteorológicos, e está diretamente ligada ao uso e conservação de recursos genéticos. Pode ser aplicada em trabalhos de regeneração natural e na elaboração de calendários para manejo das espécies, notadamente para a colheita de frutos de forma sustentável. O objetivo deste trabalho foi verificar a influência de fatores meteorológicos na fenologia vegetativa e reprodutiva de jaboticabeira [*Plinia peruviana* (Poir.) Govaerts)], em três remanescentes florestais. Foram acompanhadas as fenofases brotação foliar e botão floral, entre janeiro de 2017 a dezembro de 2019, de 15 jaboticabeiras em Clevelândia, Pato Branco e Vitorino. Utilizou-se o índice de intensidade de Fournier para quantificar a avaliação fenológica das jaboticabeiras. Para verificar a influência dos dados semanais de fotoperíodo, precipitação, temperaturas média, máxima e mínima sobre os valores do índice de intensidade de Fournier de cada fenofase, utilizou-se o Modelo Aditivo Generalizado para Posição, Escala e Forma (GAMLSS), com distribuição de erro de Poisson, seguido pela seleção stepwise. Os dados de temperaturas e a pluviosidade foram obtidos do site AgriTempo e o fotoperíodo foi calculado por meio dos dados disponibilizados pelo Observatório Nacional. O modelo GAMLSS indicou que fotoperíodo e temperatura média e máxima foram as melhores variáveis preditoras para brotação foliar e botão floral, enquanto precipitação e temperatura mínima não obtiveram associação com as fenofases. O fotoperíodo, temperatura média e máxima foram associados positivamente com brotação foliar, enquanto fotoperíodo e temperatura mínima foram associadas negativamente com botão floral (com exceção de Pato Branco). O fotoperíodo estava com valores acima de 12 horas quando do início da renovação foliar, e com valores abaixo de 12 horas para início da formação dos botões florais. A temperatura máxima estava com valores acima de 25 °C em Clevelândia e de 28 °C em Vitorino e Pato Branco, quando do início da formação de folhas jovens e botão floral. A partir dos resultados deste trabalho observou-se que para jaboticabeiras localizadas em áreas naturais de Floresta Ombrófila Mista, o fotoperíodo e as temperaturas média e máxima foram os principais preditores do início da brotação foliar e dos botões florais das jaboticabeiras.

Palavras-chave: *Plinia*; Conservação *in situ*; Eventos fenológicos.

Agradecimentos: A CAPES pela concessão de bolsa e ao Programa de Apoio à Pós-Graduação (PROAP).

Número de cadastro no SISGEN: A450C19.



ANÁLISE ANATÔMICA DE RAÍZES ADVENTÍCIAS DE *ARACHIS PINTOI* KRAPOV. & W.C. GREG. INDUZIDAS *IN VITRO*

Isabela Brandão de Sousa Machado^{1*}; Renata de Oliveira Garcia¹; Lygia Dolores Ribeiro de Santiago Fernandes²; Georgia Pacheco¹; Elisabeth Mansur¹

¹Universidade do Estado do Rio de Janeiro. ²Universidade Federal do Rio de Janeiro.

*E-mail do autor apresentador: ibsousamachado@gmail.com.

Raízes adventícias, diferentemente das laterais, têm origem em células derivadas de outros órgãos, como caules e folhas. Este processo é mais complexo e envolve diversos fatores, como fitorreguladores, luz, estado nutricional, injúrias ou características genéticas. No âmbito da biotecnologia vegetal, raízes adventícias são amplamente estudadas, tanto para o enraizamento de explantes caulinares e brotos na micropropagação, quanto para a cultura de raízes isoladas, que vêm sendo bastante exploradas para a produção de substâncias bioativas. Culturas *in vitro* de raízes adventícias de *Arachis pintoii* Krapov. & W.C. Greg. foram estabelecidas a partir de explantes de cotilédones, utilizando ácido α -naftalenoacético (ANA) a 54 μ M, tendo sido obtidas raízes numerosas, longas e ramificadas. Essas culturas podem apresentar potencial para produção de metabólitos de interesse, como os estilbenos encontrados no gênero, e ser uma alternativa a sistemas semelhantes desenvolvidos para o amendoim comestível (*Arachis hypogaea* L.) com a mesma finalidade. Este trabalho teve como objetivo a análise anatômica do processo de indução de raízes adventícias, visando determinar sua origem e estrutura, comparando com as raízes de plantas em mantidas em condições naturais. Os materiais foram fixados, desidratados em série alcoólica de etanol e acetona e incluídos em historesina. Secções de 2-3 μ m de espessura foram coradas com azul de toluidina. A análise histológica evidenciou um intumescimento da região proximal do explante, com a formação de projeções radiculares. A diferenciação de células vasculares foi observada em diferentes pontos após a formação da projeção radicular, seguida de alongamento e conexão dessas células, formando o primórdio radicular, que continuou se desenvolvendo até emergir. As raízes adventícias de *A. pintoii* eram estruturalmente semelhantes às raízes *in vivo*, nas quais já foram detectados estilbenos como o resveratrol. Essa semelhança estrutural pode ser considerada um indicativo da possibilidade de produção de estilbenos nas culturas de raízes *in vitro*. Este estudo está sendo continuado com a análise fitoquímica e a análise de condições para otimizar a etapa de multiplicação dessas raízes.

Palavras-chave: amendoim forrageiro; análise histológica; culturas de raízes.

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ e CNPq pelo apoio financeiro e bolsas de pesquisa.



SISTEMA REPRODUTIVO DE UMA ESPÉCIE DE *Dichorisandra* J.C. Mikan PRESENTE EM UM FRAGMENTO DE MATA ATLÂNTICA EM CRUZ DAS ALMAS, BAHIA

Railson Alves Correia de Almeida Júnior^{1*}; Everton Hilo de Souza¹; Lidyanne
Yuriko Saleme Aona¹

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *raylson.ac@gmail.com

A Mata Atlântica é um domínio de grande diversidade e que sofre com intensa degradação ambiental, logo, estudar e caracterizar sua flora pode auxiliar na criação de estratégias de conservação. O estudo dos sistemas reprodutivos das angiospermas é uma importante maneira de compreender o funcionamento do ecossistema, principalmente, qual estratégia as espécies utilizam para se reproduzir. Nesse contexto, o presente trabalho objetivou avaliar o sistema reprodutivo de uma espécie de *Dichorisandra* (Commelinaceae) presente em um fragmento de Mata Atlântica na cidade de Cruz das Almas, Bahia e que possui grande potencial como planta ornamental. Foram avaliados os sistemas reprodutivos: agamospermia, autopolinização espontânea e manual, geitonogamia, polinização cruzada manual e polinização livre em indivíduos previamente marcados e isolados em campo. Foi avaliado o crescimento do tubo polínico utilizando a microscopia de fluorescência nos testes observados e foram avaliados os índices de autogamia e autoincompatibilidade, bem como o de eficiência reprodutiva, além da estimativa dos grãos de pólen, contagem de óvulos, razão pólen/óvulo e observação de polinizadores atuantes. A espécie apresentou uma razão pólen/óvulo de 3.825, indicando a xenogamia obrigatória como sistema reprodutivo. O teste de autopolinização espontânea não apresentou deposição de pólen no estigma e o de agamospermia não apontou formação de fruto de forma apomítica. Os testes onde houve deposição de pólen no estigma apresentaram apenas frutos para polinização cruzada livre (90,9%) e manual (60,6%), com eficiência reprodutiva de 1,5. Os visitantes considerados polinizadores foram *Xylocopa frontalis* e *Euglossa* sp. Para os demais sistemas de polinização foram observadas barreiras gametofíticas com o tubo polínico paralisando no terço mediano do pistilo evidenciado na microscopia de fluorescência. Fato que confirmou a autoincompatibilidade apresentada a partir dos índices avaliados, com valor zero para ambos, além de informações obtidas em campo onde não havia formação de fruto. Informações sobre os sistemas reprodutivos das espécies trazem grande valia para a sua conservação e manutenção de um potencial recurso genético, além de auxiliar no conhecimento da biodiversidade presente no domínio da Mata Atlântica.

Palavras-chave: Conservação; Commelinaceae; Autoincompatibilidade.

Agradecimentos: CAPES/ PROCAD; CAPESN/ PNPd/ UFRB.



ENCAPSULAMENTO E CONSERVAÇÃO VIA CONGELAMENTO A -80°C DE EMBRIÕES ZIGÓTICOS DE *Butia capitata* (Mart.) Becc.

Suelen Martinez Guterres¹; Rosete Pescador²; Valdir Marcos Stefenon³

^{1,2}Núcleo de Pesquisas em Biotecnologia e Desenvolvimento Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina.

³Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina.

E-mail: suelenguterres1996@gmail.com

A família *Arecaceae* está distribuída em vários países da América do Sul, na qual está a espécie *Butia capitata* (Mart.) Becc., que se encontra ameaçada pelo desmatamento e pelo extrativismo predatório, limitando o estabelecimento de bancos de sementes, a germinação e o estabelecimento uniforme de plântulas em condições *in situ*. Por sua vez, o processo de criopreservação pode ser aplicável a quaisquer materiais vegetais que tenham capacidade de regeneração, com sucesso, temos o exemplo: calos, ápices, embriões somáticos e zigóticos e células em suspensão. A técnica de sementes sintéticas é a produção e manipulação de propágulos, abrindo perspectivas promissoras na conservação e intercâmbio de germoplasma. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o uso das técnicas de encapsulamento-desidratação e encapsulamento-vitrificação, visando à preservação por congelamento de embriões da espécie *B. capitata*, bem como o uso do encapsulamento e a e sua germinação. Para o trabalho, foram coletados frutos maduros de *B. capitata* de matrizes localizadas no município de São Gabriel/RS. O mesocarpo e o endocarpo do fruto foram retirados para a obtenção das amêndoas, sendo excisadas com o auxílio de um bisturi para a retirada dos embriões, os quais foram desinfestados e encapsulados com alginato de sódio 2,5% diluído em meio ½ MS e cloreto de cálcio 0,1 M para a complexação. Como tratamento controle (T0) os embriões zigóticos foram colocados em meio de cultura ½ MS. Como tratamentos de pesquisa, embriões foram encapsulados e postos para germinar (T1), encapsulados e expostos a -80°C (T2), encapsulados, submetidos a desidratação em sílica gel no fluxo laminar por um período de 4 horas e expostos a -80°C (T3), ou encapsulados, desidratados em 0,3 e 0,6 M de sacarose e tratados com solução PVS3 (T4). Os tratamentos T3 e T4 foram mantidos a -80°C por 4 horas e depois descongelados a 60°C por 90 segundos. As porcentagens de germinação obtidas foram de 91,7% e 70,8% para T0 e T1, respectivamente. Os embriões submetidos a T2, T3 e T4 não germinaram. Portanto, não foi possível obter a germinação dos embriões submetidos ao congelamento, sugerindo que os tratamentos empregados não foram eficientes para manter a viabilidade de embriões de *B. capitata*.

Palavras-chave: embriões zigóticos, criopreservação, *in vitro*.

Agradecimentos: CNPq e UNIPAMPA.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Drimys brasiliensis* Miers. COMO FERRAMENTA PARA DEFINIÇÃO DE ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES

Alison Paulo Bernadi^{1*}; Miguel Busarello Lauterjung¹; Bruno B. S. Chagas¹; Lara R. Andrade¹; Tiago Montagna¹; Maurício Sedrez dos Reis¹

¹Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais – NPFT; Centro de Ciências Agrárias – CCA; Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC. *bernardialison@gmail.com.

Drimys brasiliensis é popularmente conhecida como casca d'anta, cataia ou pimenteira. Ocorre no subosque da Floresta Ombrófila Mista (FOM), em capões nas paisagens de campo e em relictos de vegetação nos topos de morro da Floresta Ombrófila Densa (FOD). A espécie é um importante recurso genético florestal, podendo ser utilizada para diversos fins, como uso madeireiro, medicinal, paisagístico, alimentício e como uma espécie pioneira para uso em áreas de restauração. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi definir áreas apropriadas, do ponto de vista genético, para a coleta de sementes de populações de *D. brasiliensis*. Duas populações da espécie (Urupema - UR e São Joaquim - SJ) foram caracterizadas geneticamente utilizando oito sistemas isoenzimáticos. Foram coletadas folhas de 50 indivíduos adultos da espécie, espaçados entre si no mínimo 50 m em cada uma das populações. Para cada população, foram calculados os índices de diversidade genética: riqueza alélica (A), porcentagem de locos polimórficos (P), número médio de alelos por loco polimórfico (Ap), heterozigosidades esperada (H_E) e observada (H_O) e índice de fixação (f). Para estimar um número mínimo de matrizes a serem coletadas (m) seguiu-se: $m = 0,25 \cdot N_e \cdot (1+f) \cdot (1+r_{p(m)})$, onde N_e representa tamanho efetivo populacional ($N_e = 100$) e $r_{p(m)}$ a correlação de paternidade multilocus. A população UR apresentou 19 alelos no total e população SJ apresentou 18 alelos. As populações estudadas apresentaram valores intermediários de diversidade genética ($H_E = 0,137$ e $H_O = 0,104$ UR; $H_E = 0,140$ e $H_O = 0,152$ SJ). O f foi positivo e significativo para UR ($f = 0,239$; $p < 0,05$) e negativo para SJ ($f = -0,085$). O número de matrizes adequado para a coleta de sementes foi distinto em virtude dos valores de f, sendo de 34 matrizes para UR e 26 matrizes para SJ, contudo para ambas as populações, a coleta de sementes deve respeitar uma distância mínima entre matrizes de 50 m. O número de sementes coletadas em cada matriz, para ambas as populações, deve ser semelhante e/ou igual, além de misturadas nas mesmas proporções. A espécie apresenta grande potencial de uso em projetos de restauração ambiental e as populações estudadas podem fornecer matrizes e sementes com diversidade genética conhecida, fator fundamental para a manutenção, conservação e propagação de novas populações florestais.

Palavras-chave: Floresta Ombrófila Mista, Mudas nativas, Araucária.

Agradecimentos: CNPq (APB 160254/2019-1, LRA 3157162/2020-6, MSR 305980/2018-1), CAPES (MBL) e BNDES



CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Podocarpus lambertii* Klotzch Ex Endl. PARA DEFINIÇÃO DE ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES

Alison Paulo Bernadi^{1*}; Miguel Busarello Lauterjung¹; Bruno B. S. Chagas¹; Lara R. Andrade¹; Tiago Montagna¹; Maurício Sedrez dos Reis¹

¹Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais - NPFT; Centro de Ciências Agrárias - CCA; Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC. *bernardialison@gmail.com.

A Floresta Ombrófila Mista (FOM) é um ecossistema economicamente, ecologicamente e culturalmente importante para os recursos genéticos florestais. Composta por um conjunto diversificado de espécies florestais, a FOM pode ser uma fonte importante de áreas nativas geneticamente apropriadas para a coleta de sementes, como para a ameaçada conífera *P. lambertii*. A definição de áreas e a coleta de sementes com base em critérios genéticos permitem reduzir a perda de diversidade genética e minimizar possíveis efeitos negativos no estabelecimento de novas populações, como a depressão por endogamia e a perda de potencial adaptativo. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi definir áreas geneticamente apropriadas para a coleta de sementes de populações de *P. lambertii* na FOM. Para tal, foram utilizados 11 sistemas isoenzimáticos para caracterização da diversidade genética de 100 indivíduos adultos de *P. lambertii*, espaçados 50 m entre si e localizados em duas populações no estado de Santa Catarina (Bom Jardim da Serra - BJ e Paineira - PA). Para cada população, foram calculados os índices de diversidade genética: riqueza alélica (A), porcentagem de locos polimórficos (P), número médio de alelos por loco polimórfico (A_p), heterozigosidades esperada (H_E) e observada (H_O) e índice de fixação (f). Os índices de diversidade genética serviram de base para estimar um número mínimo de matrizes a serem coletadas ($m = 0,25 \cdot N_e \cdot (1+f) \cdot (1+r_{p(m)})$), onde N_e representa tamanho efetivo populacional ($N_e = 100$) e $r_{p(m)}$ a correlação de paternidade multilocus. Ambas as populações apresentaram 23 alelos, baixa diversidade genética ($H_E = 0,06$ BJ; $H_E = 0,05$ PA) além de significativos e elevados valores para f ($f = 0,316$; $p < 0,05$ BJ; $f = 0,485$; $p < 0,05$ PA). Para as populações estudadas, o número de matrizes adequado para a coleta de sementes deve ser de 43 (BJ) e 40 (PA) matrizes, espaçadas entre si no mínimo 50 m. Em ambos os locais, sugere-se coletar quantidades iguais ou semelhantes de sementes e misturar em proporções iguais para evitar efeitos de endogamia, apomixia, variações nas taxas de cruzamento entre indivíduos e garantir a representatividade da diversidade genética das populações estudadas. As populações avaliadas apresentam potencial para seleção de matrizes e produção de sementes que podem ser utilizadas na manutenção, conservação e propagação de novas populações florestais.

Palavras-chave: Restauração, fragmentos florestais, mudas nativas.

Agradecimentos: CNPq (APB 160254/2019-1, LRA 3157162/2020-6, MSR 305980/2018-1), CAPES (MBL) e BNDES



VARIABILIDADE NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE MILHO TRANSGÊNICOS E CONVENCIONAIS VISANDO A CONSERVAÇÃO

Samila Lopes¹; Virgínia Helena de Azevedo²; Patrícia Helena de Azevedo³; Ricardo Alexandre Corrêa da Silva⁴; Lindgleice Mendes da Cruz⁵, Paulo Henrique Dal Forno Silva⁶; Vinícius Gasparetto Penariol⁷; Karine Fernandes de Campos⁸

^{1, 4, 5, 6, 7, 8} Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Mato Grosso. *Campus Cuiabá*. E-mail: samilalopes54@gmail.com

^{2, 3} Professora Doutora. Universidade Federal de Mato Grosso. *Campus Cuiabá*.

A cultura do milho é extremamente importante para a economia do Brasil devido suas diversas formas de uso. Na implantação da lavoura, o uso de sementes de qualidade é essencial visando o estabelecimento das plantas e produtividade final. Portanto, a qualidade fisiológica das sementes assume papel primordial nesse processo. Avaliar a variabilidade entre genótipos permite a seleção e conservação desses recursos genéticos como fonte de genes favoráveis em programas de melhoramento genético. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variação na germinação e vigor de sementes de genótipos de milho, visando sua conservação. O trabalho foi conduzido no Laboratório de Recursos Genéticos da Faculdade de Agronomia e Zootecnia (FAAZ) da Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT). Foram avaliados seis genótipos: BRS 4103 (Variedade Convencional), B2688PWU (Híbrido Transgênico), B2433PWU (Híbrido Transgênico), B2612PWU (Híbrido Transgênico), L356 (Híbrido Convencional) e LG 36790 PRO 3 (Híbrido Transgênico). O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado com seis tratamentos e quatro repetições. Foram avaliadas a massa de mil sementes (g) de cada genótipo, a germinação (%), emergência (%), comprimento de raiz e de parte aérea de plântulas (cm) na emergência, massa fresca e seca de plântulas (g) na emergência. Observou-se variabilidade na massa de mil sementes entre os genótipos avaliados. A menor massa foi verificada em BRS 4103 (351,5 g) e a maior em B2433PWU (431,01 g). Os genótipos de milho apresentaram ótima qualidade fisiológica expressos pela germinação e vigor das sementes. Houve variação na germinação das sementes entre os genótipos, mas a emergência foi semelhante entre eles. As maiores médias de germinação e emergência foram 99,5% e 99,0%, respectivamente. A variedade convencional BRS 4103 se destacou com a maior média de germinação, já o híbrido convencional L 356 apresentou maior comprimento de raiz (14,47 cm) e parte aérea (8,27 cm). O híbrido transgênico B2433PWU apresentou maior massa fresca (2,90 g) e seca de plântulas (1,26 g). Essa variabilidade permite a conservação desses recursos genéticos para serem utilizados como genitores em programas de melhoramento visando a maximização da qualidade fisiológica das sementes.

Palavras-chave: *Zea mays*; germinação, vigor.

Agradecimentos: À FAPEMAT pela concessão da bolsa de pesquisa e a UFMT pela infraestrutura.



EFICIÊNCIA DO TESTE DE pH DE EXSUDATO NA AVALIAÇÃO QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE *PELTOGYNE CONFERTIFLORA* (MART. EX HAYNE) BENTH.

Amanda Silva da Costa^{1*}; Thiago da Silva Medeiros¹; Cheila Deisy Ferreira¹; Anderson Marcos de Souza²; Rosana de Carvalho Cristo Martins²; Francisco das Chagas Vieira Sales¹; Antônio Lucineudo de Oliveira Freire¹; Éder Ferreira Arriel¹

¹Universidade Federal de Campina Grande. ²Universidade de Brasília.

*amanda.florestal@yahoo.com.br

Assegurar a qualidade fisiológica de sementes florestais é importante para viabilizar a produção de mudas para os mais variados fins. Mas, essa tarefa não é tão simples quando considera-se a grande biodiversidade de espécies florestais ocorrentes no Brasil e suas particularidades. O teste de germinação ainda é muito utilizado em muitos laboratórios de análise de sementes, mas apesar de sua eficiência, o tempo necessário para conduzi-lo é um limitador, e a partir disto, surgiram testes considerados rápidos baseados na avaliação do vigor das sementes, e entre estes, o pH de exsudato baseando na integridade das membranas. Com isso, objetivou-se avaliar potencial fisiológico de sementes de *P. confertiflora* pelo teste pH de exsudato e confrontar seus resultados com o teste convencional de germinação. Para isso, sementes foram coletadas no Parque Estadual Serra de Caldas Novas (GO) e levadas ao Laboratório de Sementes da Universidade de Brasília- UnB (DF), onde foram realizados os testes. Para o teste de pH do exsudato massal pelo método colorimétrico e germinação foram utilizados quatro períodos de embebição, sendo zero (sem embebição), 30, 60 e 90 minutos, com 10 repetições de cinco sementes por tratamento. No teste de pH do exsudato foram utilizadas duas soluções indicadoras, a primeira sendo uma solução de fenolftaleína composta de 1g de fenolftaleína dissolvida em 100 mL de álcool absoluto, e a adição de 100 mL de água destilada e fervida, e a segunda, uma solução de carbonato de sódio composta de 8,5 g/L de água destilada e fervida. Após estes períodos foram adicionadas em cada copo duas gotas de cada solução indicadora, seguidos da leitura visual e a interpretação foi analisada quanto à coloração do meio, quando rosa claro ou rosa escuro, considera-se semente viável (meio básico), e quando incolor semente inviável (meio ácido). Para o teste de germinação foram utilizadas as mesmas sementes submetidas ao teste de pH de exsudato, sendo utilizado como substrato papel tipo *germitest*, e câmara de germinação tipo *Biochemical Oxygen Demand* (B.O.D.), com temperatura de 25 °C e fotoperíodo de 12 horas. As observações ocorreram a cada dois dias para a contagem de sementes germinadas, e cálculo do percentual. No teste de pH de exsudato todos os tratamentos apresentaram solução variando entre coloração rosa claro e rosa escuro, sugerindo que as sementes estavam de fato viáveis como constatado no teste de germinação, onde em todos os tratamentos o percentual permaneceu acima de 90,0%. Com isso, conclui-se que nas condições experimentais, o teste de pH de exsudato com uso das soluções indicadoras de fenolftaleína e carbonato de sódio pelo método colorimétrico mostrou-se eficiente na avaliação do vigor das sementes da referida espécie, porém, o tempo de embebição precisa ser aprimorado.

Palavras-chave: Sementes florestais; vigor; teste rápido.

Agradecimentos: UnB; UFCG.



ASPECTOS MACROMORFOLÓGICOS DE INDIVÍDUOS ADULTOS DE *PELTogyne confertiflora* (MART. EX HAYNE) BENTH.

Amanda Silva da Costa^{1*}; Thiago da Silva Medeiros¹; Cheila Deisy Ferreira¹; Francisco das Chagas Vieira Sales¹; Anderson Marcos de Souza²; Antônio Lucineudo de Oliveira Freire¹; Éder Ferreira Arriel¹

¹Universidade Federal de Campina Grande. ²Universidade de Brasília.
*amanda.florestal@yahoo.com.br

O termo dendrologia significa estudo das árvores, considerando seus múltiplos aspectos, desde a identificação das espécies que ocorrem em determinada região até seus potenciais de utilização. E esta ciência baseia-se em características macromorfológicas fáceis de serem observadas em campo. Diante do exposto, esta pesquisa buscou-se como objetivo descrever os caracteres macromorfológicos vegetativos e reprodutivos da espécie *P. confertiflora*, visando facilitar a sua identificação em campo em estudos futuros relacionados a avaliação da composição florística do estrato arbóreo no Bioma Cerrado. Para isso, foi selecionado um fragmento de Cerrado Rupestre localizado na Unidade de Conservação Parque Estadual Serra de Caldas Novas – PESCAN, no Estado de Goiás. Em campo foram realizadas buscas exploratórias de indivíduos adultos da referida espécie e caracterizados quanto à forma, densidade e divisão da copa das árvores, e quanto ao tronco e casca foi escolhido um indivíduo e avaliado quanto a forma do tronco e também os analisaram-se os caracteres dendrológicos do ritidoma e casca interna, além de mensurações de Altura da árvore (m) e Circunferência a Altura do Peito (cm) de 20 indivíduos com auxílio de fita métrica e régua graduada. Em seguida, foram coletados materiais vegetais como folhas, frutos e sementes para descrição e biometria de suas características macromorfológicas no Laboratório de Sementes Florestais da Universidade de Brasília-DF. A espécie *P. confertiflora* é uma árvore, com fuste ereto, cilíndrico e com copa globosa, paucifoliada e simples. A casca morta ou ritidoma é rugosa, apresentando fissuras em toda extensão do fuste, de cor acinzentada, que desprende-se com facilidade, com relação das características da casca interna a madeira quando cortada é marrom passando rapidamente ao marrom-avermelhado, de textura lisa, sem odor e não apresentando exsudado. Quanto aos valores médios das variáveis Altura (m) e Circunferência a Altura do Peito (cm) dos indivíduos de *P. confertiflora* selecionados no PESCAN foram de 3,9 m e 24,59 cm, respectivamente. As folhas são compostas bifolioladas, com disposição nos ramos alternas e pecioladas, e com folíolos opostos. O fruto é do tipo legume, de formato subtriangular, deiscente e com apenas uma semente por fruto, e essas possuem formato oblongo, cor avermelhada, lisa e dura. Como não foi observado flores no momento da coleta, concluiu-se que as características macromorfológicas do fruto e da casca são imprescindíveis para assegurar a correta identificação em campo, considerando sua semelhança vegetativa com outras espécies do mesmo gênero e do gênero *Hymenaea*. Além de que, sugere-se que para futuros estudos, sejam considerados os dados fenológicos, priorizando as épocas de floração e frutificação, para minimizar os erros com identificação.

Palavras-chave: Cerrado; dendrologia; roxinho.

Agradecimentos: UnB; UFCG.



ESTIMATIVA DE PARÂMETROS RELACIONADOS A QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE ALGODÃO VISANDO A CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA

Ricardo Alexandre Corrêa da Silva¹; Lindgleice Mendes da Cruz²; Virgínia Helena de Azevedo³; Patrícia Helena de Azevedo⁴; Luhena Lorrany de Souza⁵; Rafael Martins de Sousa Rondon⁶

^{1,2,5,6} Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus Cuiabá*.
E-mail: correaricardoalexandre@gmail.com

^{3,4} Professora Doutora, Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus Cuiabá*.

O algodão é uma cultura altamente difundida em todo o mundo, cuja relevância socioeconômica se dá pela movimentação de diversos setores da economia, principalmente a indústria têxtil. No âmbito da produção agrícola, a utilização de sementes de alta qualidade é fundamental para o desempenho da cultura no campo. Portanto, faz-se necessário a avaliação da variabilidade na qualidade das sementes entre genótipos visando a conservação e uso desses recursos genéticos. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a variação na qualidade fisiológica de sementes de genótipos de algodão. O experimento foi conduzido no Laboratório de Recursos da Faculdade de Agronomia e Zootecnia (FAAZ) da Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT). Foram utilizados oito genótipos: IMA8001WS, TMG81WS, FM906GLT, FM975WS, IMA5801B2RF, IMA6801B2RF, IMA2106GL e TMG47B2RF. O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado com oito tratamentos e quatro repetições. As variáveis avaliadas foram a massa de mil sementes (g), germinação (%), emergência (%), comprimento da parte aérea (cm) e comprimento da raiz (cm) na emergência. Houve variação na massa de mil sementes, sendo a maior média observada em IMA5801B2RF (108,20 g) e a menor média em TMG47B2RF (71,90 g). As variedades IMA8001WS, TMG81WS, FM906GLT, FM975WS e IMA5801B2RF apresentaram elevada germinação e acima dos padrões estabelecidos para comercialização de sementes de algodão (95,5%, 92,5%, 95,0%, 95,0%, 97,5%, respectivamente). Os genótipos com maior germinação também expressaram boa porcentagem de emergência. No teste de emergência, houve pouca variação no comprimento de raiz com valores inferiores apenas para IMA6801B2RF (4,84 cm) e TMG47B2RF (5,29 cm). Para os demais genótipos a variação ficou entre (6,13 e 7,71 cm). Já no comprimento da parte aérea IMA6801B2RF apresentou maior média (11,28 cm). Essa variação observada nos parâmetros de qualidade das sementes permite que o melhorista possa conservar e utilizar esses materiais como fonte de genes favoráveis em programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum* L.; qualidade de sementes; variabilidade.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT) pela concessão de bolsa, e à Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT) pela infraestrutura.



PROPORÇÃO SEXUAL EM DUAS POPULAÇÕES DE *Myracrodruon urundeuva* FR. ALL. PROCEDENTES DE DIFERENTES BIOMAS

Marília Gabriela Pereira¹; Aparecida Juliana Martins Correa²; Daniele Fernanda Zulian¹; Francieli Alves Caldeira Saul¹; Arnaldo Patrício Pinhoni Silva¹; José Carlos de Oliveira Junior¹; José Cambuim¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹.

¹UNESP, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira/SP; ²UFSCAR, Campus Sorocaba, Sorocaba/SP. marilia.pereira@unesp.br

O sucesso reprodutivo de espécies dioicas como o caso da *M. urundeuva* está intimamente ligado a proporção sexual, proporções desiguais implicam em uma contribuição desbalanceada dos gametas, podendo reduzir o tamanho efetivo populacional e levar a gargalos genéticos. O objetivo do trabalho foi avaliar a proporção sexual e o tamanho efetivo em duas populações de *M. urundeuva* procedentes dos biomas: Caatinga e Mata Atlântica (Floresta Estacional Semidecidual) em dois eventos reprodutivos. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com 30 progênies, procedentes da Estação Ecológica de Paulo de Faria/SP (TP-POP-PF), em 3 repetições e 12 progênies, procedentes da Estação Ecológica de Seridó/RN (TP-POP-RN), em 6 repetições, com 10 plantas por parcela linear no espaçamento de 3,0 m x 1,6 m. Nos anos de 2019 e 2020 aos 22 e 23 anos foram realizadas as avaliações de florescimento masculino e feminino. Para as comparações entre os indivíduos foi utilizado o teste de qui-quadrado (X^2). De um ano para o outro houve um aumento no número de indivíduos masculinos (214 – 308) para TP-POP-PF e (120 – 200) para TP-POP-RN e femininos (213 – 310) para TP-POP-PF e (142 – 210) para TP-POP-RN que floresceram, respectivamente. A partir da avaliação do teste do X^2 , verificou-se que para ambas as populações não houve diferença significativa entre os eventos reprodutivos, o mesmo ocorreu analisando a diferença no florescimento entre as procedências. Para TP-POP-PF a razão sexual foi de 0,5; resultando em uma proporção de 1♂:1♀ nos dois anos consecutivos. Para o TP-POP-RN a razão foi de 0,54 e 0,51 com uma proporção sexual de 1♂:1,2♀ e 1♂:1,1♀ nos anos de 2019 e 2020. O tamanho efetivo (N_e) foi de 280 e 471 para TP-POP-PF nos dois eventos consecutivos. No TP-POP-RN foi de 159 e 287, respectivamente. Indicando 31% e 52% do N_e esperado para Paulo de Faria; 22% e 40% para Seridó. O fato da razão sexual não diferir da proporção 1♂:1♀ e o aumento, nos valores de florescimento e do tamanho efetivo, indica uma maior participação de indivíduos fornecendo gametas para a geração seguinte, sendo um ótimo indicativo para a transformação do teste em um pomar de sementes por mudas, o que proporcionará sementes com qualidade genética superior.

Palavras-chave: Conservação *ex situ*, Florescimento, Tamanho efetivo.

Agradecimentos: A UNESP (Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”) ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e a Pontal Flora.



ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DIFERENTES PROCEDÊNCIAS DE *Myracrodruon urundeuva* FR. ALL.

Marília Gabriela Pereira¹; Aparecida Juliana Martins Correa²; Daniele Fernanda Zulian¹; Francieli Alves Caldeira Saul¹; Arnaldo Patrício Pinhoni Silva¹; Keller Barbosa de Lima¹; José Cambuim¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹.

¹UNESP, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira/SP; ²UFSCAR, Campus Sorocaba, Sorocaba/SP. marilia.pereira@unesp.br

As intensas ações antrópicas ao longo do nosso país levaram a perturbações e a destruição de florestas e do cerrado, colocando em risco espécies como a *Myracrodruon urundeuva*, em função da fragmentação da vegetação, que ocorre nos biomas: Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica. O presente trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos e a sobrevivência para duas populações de *M. urundeuva* instaladas em Selvíria-MS. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados: a) Estação Ecológica de Paulo de Faria - SP (TP-POP-PF) 30 tratamentos (progênies), 3 repetições; b) Estação Ecológica de Seridó – RN (TP-POP-RN) 12 tratamentos (progênies), 6 repetições e 10 plantas por parcela, na forma linear no espaçamento de 3,0m x 1,6m, nas duas procedências. Os ensaios foram mensurados aos 22 anos para os caracteres altura (ALT) (m); diâmetro à altura do peito (DAP) (cm); diâmetro médio de copa (DMC) (m) e sobrevivência. Os parâmetros genéticos foram obtidos a partir do procedimento REML/BLUP. A sobrevivência foi alta (77%) para as populações, indicando que as procedências possuem uma boa adaptação ao local de plantio. As médias, para os caracteres de crescimento, foram de 8,27 m para altura; 9,80 cm para DAP; 3,42 m para DMC. Com base no teste de LRT verificou-se significância entre as procedências, para todos os caracteres, exceto para o DMC, sugerindo que existe variabilidade genética entre as procedências e deve ser explorada para trabalhos de conservação e melhoramento. A herdabilidade individual, no sentido restrito, foi de baixa a moderada DAP (0,13) e DMC (0,15), indicando que parte da variação fenotípica é de origem genética. Os coeficientes de variação genética (CV_{gi} e CV_{gp}) variaram de 3,58% a 15,27%. O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ($C^2_{p\text{arc}}$) foi de 6,7% para ALT; 6,0% para DAP; e 11,0% para o DMC, estes valores com exceção do DMC estão abaixo de 10% conforme os valores ideais indicados na literatura. O coeficiente de determinação dos efeitos de procedência ($C^2_{p\text{roc}}$) foi de 0,30 para ALT e de 0,19 para o DAP. O desenvolvimento das populações foi satisfatório na região de Selvíria-MS e a presença de variação genética entre as procedências permite a sua utilização em programas de conservação *ex situ* e melhoramento genético, para a região do Bósão sul-mato-grossense.

Palavras-chave: Aroeira; População; Variação Genética.

Agradecimentos: A UNESP (Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”) ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico e a Pontal Flora.



ASSEPSIA DE DIÁSPOROS DE AROEIRA DO SERTÃO DURANTE A CONSERVAÇÃO DO GERMOPLASMA

Ricardo Alexandre Corrêa da Silva¹; Luhena Lorrany de Souza²; Patrícia Helena de Azevedo³; Virgínia Helena de Azevedo⁴; Lindgleice Mendes da Cruz⁵; Rafael Martins de Sousa Rondon⁶; Karine Fernandes de Campos⁷; Paulo Henrique Dal Forno Silva⁸

^{1,2,5,6,7,8} Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus* Cuiabá. E-mail: correaricardoalexandre@gmail.com

^{3,4} Professora Doutora, Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus* Cuiabá.

Aroeira do Sertão é amplamente utilizada e por isso tem sofrido expressiva redução em suas populações, sendo importante estudos que busquem a sua conservação. É uma espécie cuja reprodução acontece apenas uma vez por ano, assim, faz-se necessário a coleta e conservação dos diásporos, visando a propagação da espécie. No armazenamento há a possibilidade de infecção dos diásporos por fungos o que ocasiona redução na sua qualidade fisiológica. Portanto, o objetivo do trabalho foi avaliar métodos de assepsia dos diásporos de Aroeira durante o armazenamento. O experimento foi conduzido no Laboratório de Recursos da Faculdade de Agronomia e Zootecnia (FAAZ) da Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT). O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado no esquema fatorial 4 x 2 (quatro métodos de assepsia e dois tempos de armazenamento), com quatro repetições. Os diásporos foram avaliados aos 12 e 20 meses de armazenamento e submetidos a quatro métodos de assepsia: álcool 70% por 30 segundos, hipoclorito de sódio 2,5% por 30 segundos, fungicida químico por 30 segundos e sem tratamento (Testemunha). As variáveis avaliadas foram: massa de mil diásporos (g), germinação (%), emergência em leito de areia (%) e índice de velocidade de emergência (IVE). A massa de mil diásporos aos 12 meses foi 18,0 g e aos 20 meses 16,8 g. As médias de germinação aos 12 meses foram superiores em todos os métodos de assepsia, quando comparadas aos 20 meses. Aos 12 meses não houve diferenças entre os métodos de assepsia. Aos 20 meses a maior porcentagem de germinação ocorreu na testemunha (59%) e a menor média na assepsia com álcool (24%). Para emergência em leito de areia não houve interação entre tempos de armazenamento e métodos de assepsia com média geral 55,6%. O índice de velocidade de emergência foi maior aos 12 meses (12,81) diminuindo significativamente aos 20 meses (3,28), sendo que assepsia com fungicida também afetou o vigor das plântulas. Foi possível observar que o armazenamento aos 20 meses reduziu todas as variáveis analisadas. No presente trabalho não se verificou fungos associados aos diásporos. É possível a conservação até 12 meses mantendo a qualidade fisiológica semelhante ao período de coleta.

Palavras-chave: *Myracrodruon urundeuva*; qualidade fisiológica; conservação.

Agradecimentos: Ao CNPq pela bolsa de apoio à pesquisa e a UFMT pela infraestrutura.



AJUSTES EM PROTOCOLO DE ESTABELECIMENTO DE GEMAS VEGETATIVAS DE ARARUTA PARA MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO*

Pedro Camillo Siqueira dos Santos¹; Joanne Moraes de Mello Souza¹;
Leonardo Elias Ferreira¹; Vicente Savonitti Miranda¹; Mauricio Farias Couto²;
Herica Santos de Oliveira^{1*}

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²Universidade Federal de Mato Grosso.
*herica.oliveira@ufra.edu.br.

A araruta é considerada uma planta alimentícia não convencional, onde a redução do cultivo e consumo é substituída por culturas produtoras de amido como a mandioca e milho colocando esse recurso genético na lista das espécies em risco de extinção no país. Seu resgate é de fundamental importância para a agricultura familiar, por ser uma espécie rústica e possuir valor de mercado elevado, devido às características de seus produtos como ausência de glúten e fácil digestibilidade. Neste sentido o cultivo *in vitro* é uma excelente ferramenta para produção em larga escala, possibilitando um número elevado de plantas em um curto período, além de propiciar uniformidade e sanidade das mudas. O objetivo deste trabalho foi estabelecer ajustes no protocolo de estabelecimento para a micropropagação de araruta. O experimento foi realizado no Laboratório de Biotecnologia Vegetal da UFRA. O material vegetal utilizado foram rizomas de *Maranta arundinacea* L. de cor clara, adquiridos na feira livre do Ver-o-Peso. Os rizomas foram submetidos a pré-asepsia em água corrente e com o auxílio de uma escova de cerdas de nylon, foi retirado os resíduos. Em câmara de fluxo laminar foram extraídas as gemas vegetativas e estas submetidas a hipoclorito de sódio 2,5%, com duas gotas de Tween 20 (por 6 minutos), álcool 70% (durante 5 minutos), seguida por três lavagens com água destilada autoclavada (2 minutos cada lavagem). As gemas vegetativas após asepsia foram transferidas para tubos de ensaio contendo 10 mL de meio de cultura MS, com diferentes concentrações de 6-benzilaminopurina (BAP): 0,0; 1,0; 2,0 e 3,0 mg L⁻¹, todos com 30 g L⁻¹ de sacarose solidificados com phytigel a 2,5 g L⁻¹ e pH ajustado para 5,8 antes da autoclavagem por 20 minutos a 120°C e sob pressão de 1,5 atm. O experimento foi estabelecido em sala de cultivo, sob condições laboratoriais, em duas condições de cultivo (claro e escuro). O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, com oito tratamentos (composto de três concentrações de BAP e a testemunha e duas condições de cultivo), com cinco repetições por tratamento. As avaliações foram quanto as porcentagens de contaminação por bactérias e/ou fungos, e de brotações. Quatro dias após a inoculação *in vitro* observou-se 100% de contaminação das gemas vegetativas por fungo, que pode ser devido a manipulação ineficiente ou pela presença de esporos no ambiente de cultivo. Assim, há a necessidade de ajustes na asepsia para o estabelecimento dos explantes *in vitro*.

Palavras-chave: *Maranta arundinacea* L.; resgate da cultura; micropropagação.

Agradecimentos: UFRA.



QUALIDADE FISIOLÓGICA DE MATRIZES DE AROEIRA DO SERTÃO VISANDO A CONSERVAÇÃO DO GERMOPLASMA

Vinicius Gasparetto Penariol¹; Ricardo Alexandre Corrêa da Silva²; Patrícia Helena de Azevedo³; Virgínia Helena de Azevedo⁴; Samila Lopes⁵

^{1,2,5} Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus* Cuiabá.
E-mail: viniciusgpenariol@gmail.com

^{3,4} Professora Doutora, Universidade Federal de Mato Grosso, *Campus* Cuiabá.

A Aroeira do Sertão (*Myracrodruon urundeuva* Fr. All.) é amplamente explorada, devido a versatilidade da espécie que pode ser usada desde a construção civil até o uso medicinal, integrando por muitos anos a lista de espécies ameaçadas de extinção. No que tange a conservação das espécies é importante se observar a variabilidade entre indivíduos, com o intuito de fornecer subsídios para conservação e manejo. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a germinação e o vigor de diásporos de matrizes de Aroeira do Sertão visando sua conservação. O trabalho foi conduzido no Laboratório de Recursos Genéticos da Faculdade de Agronomia e Zootecnia (FAAZ) da Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT). Foram utilizadas quatro matrizes denominada M1, M2, M3 e M4. As matrizes foram coletadas no distrito da Guia, município de Cuiabá-MT. Após coleta foi feito o beneficiamento dos diásporos e posterior análises. Inicialmente foi avaliada a massa de mil diásporos de cada matriz utilizando-se oito subamostras de 100 diásporos que em seguida foram pesadas. A média foi multiplicada por dez e os valores expressos em gramas. Posteriormente, foi conduzido experimento no delineamento inteiramente casualizado com quatro matrizes e quatro repetições. Cada repetição foi constituída por 25 diásporos de Aroeira. As variáveis avaliadas foram a germinação (%), emergência em leito de areia (%), comprimento de raiz e da parte aérea de plântulas na emergência (cm) e índice de velocidade de emergência. As matrizes 1 e 2 apresentaram a maior massa de mil diásporos (17,0 g e 16,5 g), respectivamente. Não houve variação entre as matrizes na qualidade fisiológica dos diásporos de Aroeira. A média geral da germinação, emergência, comprimento de raiz, de parte aérea e índice de velocidade de emergência das matrizes foi 64,5%, 60,2%, 3,3 cm, 2,2 cm e 5,7, respectivamente. A germinação e vigor dos diásporos foram considerados satisfatórios por se tratar de uma espécie nativa com grande variabilidade genética entre as regiões de ocorrência, sendo possível sua conservação para posterior propagação.

Palavras-chave: *Myracrodruon urundeuva*; germinação; conservação.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT) pela concessão de bolsa, e à Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT) pela infraestrutura.



ESTABELECIMENTO DE UM BANCO DE GERMOPLASMA *IN VITRO* DE ESPÉCIES DE Bromeliaceae: Tillandsioideae

Iasmin Lima dos Santos^{1*}; Fernanda Vidigal Duarte Souza²; Rafaelle Souza de Oliveira¹; Lidyanne Yuriko Saleme Aona¹; Everton Hilo de Souza¹

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ² Embrapa Mandioca e Fruticultura. * iasmin.lbio@gmail.com

A família Bromeliaceae possui oito subfamílias, dentre elas, a subfamília Tillandsioideae possui o maior número de espécies (1.492 spp.) e engloba alguns gêneros de grande interesse comercial, como *Alcantarea*, *Barfussia*, *Guzmania*, *Vriesea* e *Tillandsia*, dada a sua forma bastante ornamental. O alto grau de endemismo e o extrativismo predatório em algumas espécies da família tem causado a extinção ou a redução populacional na área de ocorrência. Devido a isso, faz-se necessária a utilização de estratégias de conservação *ex situ* para essas espécies, a fim de resguardar parte da variabilidade genética ainda existente. A conservação *in vitro* consiste na manutenção das plantas em meio de cultura em condições de crescimento lento sob condição laboratoriais controladas e pela manipulação de diferentes fatores que reduzam o metabolismo da planta. Com o intuito de conservar essas espécies de Tillandsioideae, esse trabalho teve como objetivo estabelecer um Banco de Germoplasma *in vitro* de Bromélias, a partir de um método acessível e de baixo impacto ambiental. Dessa forma, sementes de 50 espécies, sendo duas espécies de *Alcantarea*, uma de *Barfussia*, duas de *Catopsis*, uma de *Guzmania*, uma de *Mezobromelia*, três de *Racinaea*, 16 de *Tillandsia* e 24 de *Vriesea* foram estabelecidas em meio de cultura MS com metade das concentrações de sais. Os tubos de ensaio foram mantidos em sala de crescimento com temperatura de 25 ± 2 °C, sob fotoperíodo de 16 horas, com densidade de fluxo de fótons de $30 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$. As avaliações foram acumulativas e realizadas diariamente para verificação do início de germinação. Foram avaliadas a porcentagem de germinação e a porcentagem de contaminação considerando fungos e bactérias. Das 50 espécies de Tillandsioideae, 43 apresentaram alguma porcentagem de germinação, sendo que 30 espécies apresentaram mais de 50% de sementes germinadas. Apenas três espécies obtiveram 100% de contaminação (*Racinaea spiculosa* var. *ustulata*, *Tillandsia heliconioides* e *Vriesea pseudoligantha*), inviabilizando o estabelecimento *in vitro*. Quatro espécies (*Tillandsia tenuifolia* var. *vaginata*, *Catopsis berteroniana*, *Vriesea minuta* e *V. triligulata*), não contaminaram e não apresentaram sementes germinadas. Provavelmente, essa ausência de germinação está relacionada a fatores de maturação ou fisiológicos da semente. O início da germinação das espécies ocorreu de forma irregular com uma variação de 4 a 18 dias após estabelecimento, com tempo médio entre as espécies de 8,3 dias. As espécies que apresentaram germinação mais rápida foram *Guzmania monostachia* e *Tillandsia polystachia* com quatro dias e as mais tardias foram *Vriesea psittacina* e *Mezobromelia* sp. com 18 dias. Para algumas espécies, se faz necessário ajustes nos métodos de desinfestação para que haja uma redução nas porcentagens de contaminação.

Palavras-chave: Bromélia; Conservação; Sementes.

Agradecimentos: CAPES/PNPD/UFRB, CAPES/PROCAD, FAPESB, CNPq e CNPMPF.



CONSERVAÇÃO IN VITRO DE ESPÉCIES DE BROMELIACEAE AMEAÇADAS DE EXTINÇÃO

Iasmin Lima dos Santos¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza²; Lidyanne Yuriko Saleme Aona¹; Everton Hilo de Souza¹

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ² Embrapa Mandioca e Fruticultura.

*iasmin.lbio@gmail.com

Bromeliaceae se destaca como uma das famílias mais diversificadas, com maiores taxas de endemismo e populações reduzidas. Esses fatos combinados com a perda acelerada da vegetação e o extrativismo, principalmente, para uso ornamental têm colocado muitas espécies em risco de extinção. Das 202 espécies listadas do 'Livro Vermelho da Flora do Brasil', 16% estão como "Criticamente em Perigo" (CR), 55% "Em Perigo" (EN) e 29% "Vulnerável" (VU). O objetivo do presente trabalho foi avaliar o estabelecimento e o crescimento de 12 espécies ameaçadas em condições de crescimento lento no Banco de Germoplasma *in vitro*. Sementes de 12 espécies de diferentes risco de ameaça foram estabelecidas em meio de cultura MS/2. As avaliações foram realizadas diariamente para verificar o início da germinação. Aos 60 dias de estabelecidas, foram avaliadas a porcentagem de germinação e contaminação. As espécies foram transferidas para um novo meio de cultura e mantidas em sala de conservação (19 ± 1 °C; $22 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ e fotoperíodo de 12 horas). O intervalo de subcultivo foi determinado pela ausência de meio de cultura ou pela presença de mais de 50% das folhas senescentes. Nessa etapa, as plântulas foram avaliadas quanto à altura da planta (cm), número de folhas verdes, folhas senescentes e o intervalo em meses para um novo subcultivo. De forma geral, foram observadas baixas porcentagens de contaminação na fase de estabelecimento, com exceção de *Guzmania monostachia* (VU) com 43%. As maiores porcentagens de germinação das sementes foram observadas em *Alcantarea nahoumii* (VU) 98%, *Hohenbergia castellanosi* (EN) 97%, *Aechmea echinata* (EN) 88%, *Dyckia monticola* (CR) 85% e *Vriesea sazimae* (VU) 85%. As menores porcentagens de germinação foram observadas em *G. monostachia* 3%, *Lymania brachycaulis* (EN) 13%, *L. azurea* (EN) 37%, *Alcantarea nevaesii* (EN) 40%, *Alcantarea geniculata* (EN) 45% e *Vriesea altomacaensis* (CR) 48%. O início da germinação das espécies ocorreu de forma irregular com uma variação de 2 dias para *L. azurea* a 17 dias para *L. brachycaulis*. Para os ensaios de conservação, todas as espécies ficaram conservadas de 13 meses (*V. altomacaensis*) a 24 meses (*Dyckia fosteriana* - EN). O intervalo de subcultivo influencia diretamente na redução de custos de reagentes e mão de obra. As maiores plantas foram observadas nas três espécies de *Alcantarea* com média de 12,2 cm e as menores nas espécies de *Lymania* com 4,35 cm de comprimento. O número de folhas verdes variou de 6,1 (*L. azurea*) a 13,8 em *A. nahoumii*. Já o maior número de folhas senescentes foi observado em *G. monostachia* (11,3) e o menor em *D. monticola* (2,8). A plasticidade genotípica deve ser levada em consideração quando se pensa na conservação do germoplasma de bromélia, pois não se pode estabelecer um intervalo de subcultivo entre as espécies.

Palavras-chave: Bromélia; Conservação; Poales.

Agradecimentos: CAPES/PNPD, CAPES/PROCAD, FAPESB, CNPq, UFRB e CNPMPF.



POTENCIAL DO BARU COMO INGREDIENTE CULINÁRIO

Bianca Correchel Salomon Cabral¹; Raquel de Andrade Cardoso Santiago¹

¹Universidade Federal de Goiás. *E-mail do autor apresentador: biancacorrechel@gmail.com

A preservação da biodiversidade é discutida desde a Convenção sobre a Diversidade Biológica acordada em 1992, ocasião que o Brasil inicia o desenvolvimento de projetos e políticas no tema. O Baru (*Dipteryx alata* Vog.) é um fruto da biodiversidade brasileira, encontrado no cerrado. Sua árvore é da família Leguminosae e produz frutos ovóides de coloração marrom escuro, com uma semente por fruto e uma produção de variável ao longo dos anos, de até 5000 unidades por árvore. Ele é utilizado como alimento para animais e humanos, sendo a castanha a parte mais popular para os últimos. A polpa e a casca do baru (PCB) são partes que, embora comestíveis, são menos exploradas, ainda que existam estudos demonstrando boa aceitação de biscoitos e pães com estes ingredientes. Em relação à composição nutricional, a castanha (5% do fruto) apresenta lipídeos de boa qualidade e concentração considerável de proteínas, em concordância com outras leguminosas. A PCB (aproximadamente 50% do fruto), por sua vez, possuem elevada concentração de fibras e açúcares redutores, taninos solúveis e compostos fenólicos. Com o resgate de saberes tradicionais, famílias e comunidades que baseiam sua renda no extrativismo e na comercialização da castanha do Baru podem ser orientadas ao uso da PCB para um melhor aproveitamento dos recursos naturais, reduzindo resíduos, promovendo extrativismo e sistemas alimentares mais sustentáveis. Além disso, com o uso dessa matéria-prima, os atores envolvidos, podem desenvolver ingredientes e produtos, nutricionalmente adequados. Dados de literatura mostram que a característica de carboidratos dessa matéria-prima (fibras e açúcares), ampliam seu potencial como ingrediente de uso comum, o açúcar, porém com características tecnológicas e nutricionais a serem melhor exploradas. Em preparações culinárias foi observado que a sua inclusão na formulação de biscoitos reduziu o uso de gorduras, adoçou e aumentou o teor de fibra, demonstrando seu potencial. Diversas espécies da sociobiodiversidade perderam o uso com a urbanização, a introdução de grandes mercados e a padronização alimentar, gerando perda da variabilidade genética dos gêneros alimentícios. Dessa forma, a investigação do potencial culinário do baru para o uso na alimentação contribui para a sustentabilidade do cerrado, corroborando para a garantia da Segurança Alimentar e Nutricional e para o alcance metas globais que o país compactua como as Metas de Aichi e os ODS, além de gerar renda para produtores locais, incentivar a utilização consciente dos recursos naturais e contribuir para a conscientização da população à respeito da importância da biodiversidade.

Palavras-chave: biodiversidade; cerrado; *Dipteryx alata* Vog.



APROVEITAMENTO DA CASCA E POLPA DE BARU (*DIPTERYX ALATA* VOG.) E A INTERFERÊNCIA DE TANINOS NA SUA APLICABILIDADE COMO INGREDIENTE

Ludymilla de Freitas Lúcio¹; Rodrigo Barbosa Monteiro Cavalcante¹; Raquel de Andrade Cardoso Santiago¹

¹Faculdade de Nutrição, Universidade Federal de Goiás.
*ludymilla.freitas@discente.ufg.br

O baru, é um fruto do Cerrado com potencial de extrativismo regional, e importante ingrediente para Bioeconomia brasileira. A sua polpa, rica em fibras e de sabor adocicado, que aumenta com a maturação do fruto, tem o sabor comprometido pelo teor de taninos, que são responsáveis pelo gosto secundário adstringente. Apesar do potencial antioxidante, os taninos apresentam características antinutricionais, portanto, faz-se necessário avaliar os efeitos considerando as concentrações oferecidas. A polpa representa 50% do fruto e tem sido investigada como alternativa de baixo custo para o desenvolvimento de um ingrediente com propriedades tecnológicas e nutricionais. O estudo propôs analisar o conteúdo de taninos e desenvolver um processo de destanização da casca e polpa para aplicar em produto alimentício. Foram utilizadas três condições de despolpa: manual, sob cocção em panela de pressão e sob agitação com água. As polpas obtidas foram liofilizadas, moídas e armazenadas sob congelamento (-18°C). A quantificação dos taninos foi realizada por método espectrofotométrico, com o uso de vanilina e HCl para obtenção dos taninos condensados e o reagente de Follin Denis para estimativa dos taninos totais. Formulações de cookies de baru utilizando as três farinhas foram desenvolvidos e avaliados quanto à preferência por meio de análise sensorial em duas etapas. Na primeira etapa foi aplicado teste de ordenação e na seguinte teste bilateral. Para as análises foram recrutados 120 assessores não treinados, de ambos os sexos, alfabetizados e com idade entre 18 e 50 anos. Os resultados do teor de taninos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e teste de Tukey ($p < 0,05$), demonstrando que o tratamento de despolpa sob agitação em água se apresentou como o mais indicado para redução de taninos condensados e totais. Os resultados da análise sensorial foram avaliados por teste de Friedman e tabelas de referência. Verificou-se que o cookie elaborado com farinha de polpa e casca de baru sob despolpa em cocção obteve 50,83% de aceitação. Esta formulação fornece um aporte significativo de fibras alimentares por porção e baixo conteúdo de taninos, impossibilitando o efeito antinutricional. A combinação de ingredientes utilizada na formulação, associada ao método de extração da polpa e cocção não evidenciou o residual amargo relatado por trabalhos prévios. Conclui-se, portanto, que o processo de despolpa pode reduzir consideravelmente o teor de taninos na casca e polpa do baru, possibilitando o uso dessas matérias-primas como ingrediente para o preparo de produtos alimentícios, como cookies.

Palavras-chave: *Dipteryx alata* Vog.; Taninos; Biodiversidade.



IMPACTO DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS FUTURAS NA DISTRIBUIÇÃO POTENCIAL DE *Stylosanthes capitata* E *Stylosanthes macrocephala*

Fernando Bonifácio-Anacleto^{1*}; Dora Yovana Barrios-Leal¹; Thadeu Sobral-Souza²; Ana Lilia Alzate-Marin¹

¹Universidade de São Paulo. ²Universidade Federal de Mato Grosso.
*bonifacioanacleto@usp.br

As mudanças climáticas apresentam grande ameaça à biodiversidade, gerando preocupações globais sobre como as plantas e os biomas irão enfrentar novas condições ambientais. As leguminosas forrageiras nativas como *Stylosanthes capitata* Vogel e *Stylosanthes macrocephala* M.B. Ferreira & Sousa Costa, são espécies amplamente utilizadas em pastagens no Brasil devido à ótima fonte de nutrientes para o gado e baixo custo para produtores. Assim o conhecimento do impacto que elas possam sofrer com as mudanças climáticas pode ser chave na sua conservação e uso. Neste contexto, nosso objetivo foi examinar a dinâmica da distribuição potencial das espécies *S. capitata* e *S. macrocephala* frente aos cenários de mudanças climáticas RCP 2.6 (*Representative concentration pathway*) considerado otimista, RCPs 4.5 e 6.0 considerados intermediários e RCP 8.5 considerado pessimista, segundo o quinto relatório do IPCC. Para as projeções da distribuição potencial atual e futura utilizamos as coordenadas geográficas disponibilizadas no SpeciesLink e na literatura, 4 variáveis bioclimáticas, 4 Modelos de Circulação Geral (MCG) e 4 algoritmos matemáticos. O desempenho das previsões foi avaliado pelos parâmetros TSS>0,5 (*True Skill Statistic*) e AUC>0,75 (*Area under the ROC curve*). Todos os algoritmos foram executados no pacote R“dismo”. De acordo com os valores de AUC e TSS, todos os modelos forneceram previsões confiáveis em todos os algoritmos e MCG. O modelo RCP 2.6 mostrou áreas com alta adequabilidade para ambas as espécies nos biomas Caatinga, Cerrado, Amazônia e Mata Atlântica, com impacto mínimo em relação à distribuição potencial atual. Foi observada uma redução gradual das áreas de alta adequabilidade nos modelos intermediários (RCPs 4.5 e 6.0) sendo mais drástico em RCP 8.5, principalmente para *S. macrocephala*. Por outro lado, cabe ressaltar que neste último cenário, mesmo com baixa adequabilidade, as espécies mostram áreas potenciais em novas regiões, por exemplo, no Chaco, que podem apresentar um potencial de prospecção destas forrageiras. Embora, sob o modelo RCP 2.6 em ambiente simulado em campo, tem se observado certa plasticidade fisiológica em *S. capitata*, estas adaptações podem não ser suficientes para a manutenção das funções ecológicas, frente aos demais modelos. O estudo de distribuição potencial destas espécies pode ser de grande valor no delineamento futuro de planos de conservação e utilização destes recursos genéticos.

Palavras-chave: Mudanças climáticas; Modelagem; *Stylosanthes* sp.

Agradecimentos: CNPq (141921/2019-6) e PNPd/CAPES (88882.317598/2019-01)



Desempenho agrônômico de bananeiras provenientes de mudas convencionais e micropropagadas no 1º ciclo de produção

Ramon Felipe Scherer^{*1}; André Boldrin Beltrame¹; Gelton Geraldo Fernandes Guimarães¹; Gustavo Henrique Ferrero Klabunde¹.

¹EPAGRI – Estação Experimental de Itajaí

*E-mail: ramonscherer@epagri.sc.gov.br

A bananeira (*Musa* spp.) é uma frutífera de grande importância sócio-econômica no mundo. A produção de mudas de acordo com as regulamentações do MAPA, em geral por meio da micropropagação, permite a produção clonal, em larga escala, de mudas livres de pragas; e a geração de novos cultivares diversifica as opções à cadeia produtiva. O presente trabalho avaliou parâmetros do desenvolvimento vegetativo (altura, número de folhas e perímetro do pseudocaule) e do reprodutivo (tempo do 1º ciclo e peso do cacho) em plantas do genótipo Bagban179 provenientes de mudas micropropagadas e de mudas convencionais (chifre/chifrão), sendo 45 mudas de cada. O genótipo Bagban179, registrado no Mapa como material pré-comercial, é derivado do 'Prata Anã' via mutação espontânea, tendo como principal característica o menor porte em relação ao cultivar de origem. O bananal foi implantado em Itajaí/SC no dia 03/01/2019 e as avaliações do desenvolvimento vegetativo tiveram duas fases: 1ª) 14/01/2019 e 22/02/2019 - alturas das plantas medidas até a ponta esticada da primeira folha e perímetro avaliado a 5 cm do solo; 2ª) 26/04/2019 e momento da emissão do cacho - altura medida até o ponto de emissão da folha charuto (ou emissão da inflorescência) e perímetro medido a 30 cm do solo. As análises comparativas de cada avaliação foram feitas pelo teste t de Student (95% de confiabilidade). Na primeira fase de avaliação as mudas convencionais apresentaram valores significativamente superiores para altura e perímetro; o número de folhas não apresentou diferença significativa na primeira avaliação, porém, as mudas micropropagadas apresentaram maior número de folhas na segunda avaliação. Na segunda fase de avaliação, as plantas micropropagadas apresentaram valores significativamente superiores para a altura e perímetro do pseudocaule; e os dois tipos de mudas não diferiram quanto ao número de folhas. Apesar das plantas micropropagadas apresentarem cachos mais leves, 11,2 Kg contra 14,0 Kg das mudas convencionais, elas apresentaram um tempo menor para a colheita, 356,1 contra 410,5 dias. Além disso, os valores dos desvios-padrão (14,6 e 33,9, respectivamente) apontam que o período de colheita das plantas provenientes de mudas micropropagadas foi mais homogêneo do que o período da colheita das plantas provenientes de mudas convencionais. A avaliação desses parâmetros no primeiro ciclo de cultivo mostrou que as mudas micropropagadas apresentaram um crescimento rápido e vigoroso, resultando numa colheita mais concentrada e precoce do que plantas provenientes de mudas convencionais.

Palavras-chave: *Musa* spp., Subgrupo Prata, Biofábricas de mudas

Agradecimentos: FINEP, FAPESC e CNPq.



ÁCIDO INDOLBUTÍRICO NO DESENVOLVIMENTO DE ESTACAS DE UMBUZEIRO NO ESTÁDIO DE DORMÊNCIA

Elma Machado Ataíde¹; Alexandre Maniçoba da Rosa Ferraz Jardim¹; Jackson Mirellys Azevêdo Souza³; Débora Costa Bastos⁴

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco. ³Universidade Estadual Paulista. ⁴Embrapa Semiárido. *E-mail: elma.ataide@ufrpe.br

Dentre as frutíferas nativas com potencial de cultivo, merece destaque o umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda), espécie endêmica da Caatinga com várias opções de exploração e uso pelos agricultores, principalmente, do semiárido nordestino. Apesar de o umbu ser uma excelente alternativa para geração de renda na agricultura familiar, esta espécie sofre grande devastação, cujo extrativismo desordenado de frutos tem levado ao declínio nos últimos anos. Portanto, é importante difundir tecnologias com vista a sua preservação, principalmente voltadas para a produção de mudas pela propagação vegetativa, que possibilitara a produção de clones da planta matriz, manutenção de características genéticas, precocidade e maior produtividade. Desta forma, objetivou-se avaliar o ácido indolbutírico (AIB) no enraizamento de estacas de umbuzeiro no estágio de dormência. O trabalho foi conduzido na Unidade Acadêmica de Serra Talhada nas coordenadas 07°59'31"S e 38°17'54" W e 530m, em viveiro telado 70%. Para a propagação, utilizou-se o método de estaquia, com coleta das estacas no estágio de dormência (agosto) pela manhã de plantas adultas do Parque Estadual Mata Pimenteira, Serra Talhada, PE, acondicionadas em caixas térmicas e transportadas para o Laboratório, padronizadas (20 cm) com corte reto no ápice e bisel na base. Posteriormente, 30 estacas foram submetidas à aplicação do AIB por imersão de suas bases (2 cm), em solução hidroalcolica (50% v/v) com 9.000 mgL⁻¹ AIB por 10 seg. Para efeito de comparação (test.), um número igual de estacas foi submetido à imersão na solução sem AIB. Estaqueamento das estacas em bandejas plásticas com 2/3 do comprimento em substrato areia esterilizada, transferidas para viveiro, com irrigação diária. Após 120 dias, avaliou-se (%) de estacas enraizadas e com brotações; comprimento de raízes e brotações; número de raízes e brotações; e massa fresca e seca de raízes e brotações. Para avaliação dos resultados, calcularam-se as médias de cada grupo de estacas (com e sem AIB), seguidas de seus desvios padrão e coeficientes de variação. Independente do uso AIB, a (%) de enraizamento foi baixa, 3,3 ± 5,7 e 10,0 ± 10% para estacas sem e com AIB, respectivamente. Já a (%) de brotação foi maior em estacas não tratadas (63,3 ± 5,7 %) que com AIB (33,3 ± 15,2 %). Em função do baixo desempenho, não houve grandes diferenças entre estacas tratadas com e sem AIB para as demais características avaliadas. Face aos resultados, nestas condições, não se justifica o uso de AIB a 9.000 mgL⁻¹. para produção de mudas de umbuzeiro via estaquia estágio dormente.

Palavras-chave: enraizamento; propagação vegetativa; *Spondias tuberosa* Arruda.



LEVANTAMENTO FLORÍSTICO DE ORQUIDÁCEAS OCORRENTES NA COSTA LESTE SUL-MATOGROSSENSE

Arlindo Ananias Pereira da Silva^{1*}; Paulo Eduardo Teodoro²; Glaucia Amorim Faria¹; Kassia Maria Cruz Souza¹; Leonardo Henrique Pereira de Brito¹; Dayane Bortoloto da Silva¹; Luiz Felipe Batista¹; Enes Furlani Junior¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. ²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul/Campus de Chapadão do Sul. *E-mail: arlindo.ananias@unesp.br

Um dos principais centros de diversidade de orquídeas se localiza no Cerrado brasileiro e inclui um número significativo de espécies endêmicas. Muitas dessas espécies encontram-se ameaçadas de extinção devido às ações antrópicas associadas às baixas taxas de reprodução e desenvolvimento das orquídeas e a extração dessas plantas para o comércio ilegal. O objetivo do presente estudo consistiu na realização do levantamento das espécies de orquídeas que ocorrem na Costa Leste do Estado de Mato Grosso do Sul, visando a geração de subsídios para a sua conservação. Este estudo foi realizado em Reservas Legais de propriedades particulares nos municípios de Brasilândia, Três Lagoas, Selvíria e Inocência. O levantamento florístico foi realizado no período de janeiro a março de 2020, com expedições quinzenais às áreas para observação e coleta de material. O material coletado foi herborizado conforme procedimentos usuais, identificado com auxílio de bibliografia apropriada e consulta a especialistas. Foram registradas 14 espécies de Orchidaceae, distribuídas em 9 gêneros. *Catasetum* Rich. ex Kunth, *Cyrtopodium* R.Br., *Encyclia* Hook. e *Habenaria* Willd. foram os gêneros mais diversificados na região. Uma espécie ameaçada de extinção (de acordo com a lista vermelha de espécies ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza - IUCN) foi encontrada na região, *Cattleya nobilior* Rchb.f. A presença de espécies de amplo espectro biológico nos locais de estudo e o pequeno número de espécies registrado (n=14) são compatíveis com o esperado na maioria dos ambientes alterados e sob forte pressão da antropização. A maioria das espécies observadas tem hábito epifítico (71,42%), o que demonstra a importância ecológica de fragmentos florestais e de árvores isoladas. Com base nesta observação, constatou-se que a proteção das áreas estudadas, associada com a manutenção de árvores mais velhas, é fundamental para a conservação das comunidades epifíticas urbanas, as quais podem funcionar como ponte entre as comunidades epifíticas do entorno, permitindo algum fluxo gênico e, desse modo, contribuindo com a conservação das espécies da região. A implantação de medidas de conservação como requisito obrigatório da autorização de supressão de remanescentes florestais e de árvores isoladas, exigindo-se o resgate e a realocação de indivíduos de epífitas, sejam quaisquer espécies ou família, em locais protegidos por Lei (por exemplo APP, RL, RPPNs e Parques Estaduais), poderia contribuir sobremaneira na preservação das epífitas em geral.

Palavras-chave: Conservação; Cerrado Brasileiro; Fluxo gênico.

Agradecimentos: PPGA – Programa de Pós-graduação em Agronomia, Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais e Laboratório de Fitotecnia, UNESP/FEIS.



Efeitos da combinação do cultivar, sistema de imersão e tipo e concentração de citocinina na taxa regenerativa de Bananeira

Dorival Almeida da Silva¹; Ramon Felipe Scherer²; Daniel Ferreira Holderbaum¹; Miguel Pedro Guerra¹; Neusa Steiner¹.

¹UFSC. ²EPAGRI.

*E-mail: drv_amd@yahoo.com.br

A banana é uma das principais frutas produzidas no mundo. Apesar de sua importância, propágulos de baixa qualidade sanitária ainda são utilizados no plantio de lavouras. Biofábricas produzem mudas livres de pragas e doenças em larga escala, porém, o aperfeiçoamento dos protocolos de micropropagação deve ser uma busca contínua. Neste sentido, meristemas apicais dos cultivares SCS451 Catarina e SCS452 Corupá foram inoculados em frascos de vidro (69 x 121,7 mm) contendo 50 mL de meio de cultura constituído da formulação salina MS, 30 g/L de sacarose, geleificado com 2,5 g/L de Phytigel, pH de 5,8, e suplementado com diferentes concentrações (0, 0,1, 1, 10, e 20 μ M) de Benzilaminopurina (BAP) ou meta-Topolina (mT). As brotações permaneceram no mesmo tipo de meio de cultura por 5 subcultivos, cada um com 4 semanas de duração. Durante as repicagens, as culturas eram limpas de folhas velhas e raízes, e os brotos maiores de 2 cm eram cortados [totalmente no sentido transversal (~1 cm), e parcialmente na região meristemática (sem dividir) buscando quebrar a dominância apical]. Após as 5 repicagens, foi implantado um experimento para avaliar a taxa regenerativa de microbrotos dos dois cultivares em diferentes sistemas de imersão [permanente (SIP) ou temporária (SIT)] expostos a diferentes concentrações (0, 5, 10 e 20 μ M) das citocininas BAP ou mT. Os brotos mantidos nos tratamentos com 0,1 e 1 μ M de BAP ou mT durante a formação dos brotos mostraram baixa taxa regenerativa, por isso, as brotações provenientes deles foram utilizadas no experimento na concentração de 5 μ M, com a respectiva citocinina. A razão de meio de cultura por explante foi de 1 explante / 50 mL de meio de cultura; sendo o SIP no mesmo frasco de vidro, com 50 mL de meio de cultura geleificado; e o SIT em frascos duplos de garrafas PET de 5 L com 600 mL de meio de cultura líquido. Não houve diferenças significativas entre os tipos de citocininas, mas a concentração apresentou termos lineares ($p < 0,001$) e quadráticos ($p < 0,001$) altamente significativos, bem como interações significativas com o cultivar e o sistema de cultivo. Para 'SCS451 Catarina' não houve diferenças significativas entre os sistemas de imersão, mas para 'SCS452 Corupá' as maiores taxas de regeneração foram observadas sob SIT ($p < 0,05$). Esses resultados indicam que BAP e mT são igualmente adequados para micropropagação dos cultivares testados, com resultados satisfatórios nas concentrações de 5 a 15 μ M. Finalmente, baixas concentrações de citocinina (~ 5 μ M) e / ou o uso de meio de cultura líquido no SIT podem otimizar a obtenção de brotos com menor custo na produção para ambas os cultivares.

Palavras-chave: Musa spp, micropropagação, citocinina



CULTURAS EMBRIOGÊNICAS DE BANANEIRA: INDUÇÃO, CONTEÚDO DE POLIAMINAS E METILAÇÃO DO DNA GLOBAL.

Dorival Almeida da Silva¹; Ramon Felipe Scherer²; Hugo Pacheco de Freitas Fraga³; Daniel Ferreira Holderbaum¹; Miguel Pedro Guerra¹; Neusa Steiner¹.

¹UFSC ²EPAGRI ³UFPR

*E-mail: drv_amd@yahoo.com.br.

A bananeira (*Musa* spp.) é cultivada em diversos países e seu fruto é fonte de alimento e renda para milhões de pessoas. Técnicas biotecnológicas, como a embriogênese somática, são ferramentas valiosas para propagação, melhoramento genético e conservação de germoplasma vegetal. Considerando que o tipo de explante e do fitorregulador utilizado pode influenciar a obtenção e as características dos embriões somáticos, este trabalho visou avaliar o efeito do Picloram na indução de calos de bananeira 'SCS451 Catarina' (AAB) a partir de *Thin Cell Layer* (TCL). O meio de cultura básico foi constituído por solução salina MS, 30 g/L de sacarose e 2,5 g/L de phytagel. Avaliou-se a posição do TCL (basal, mediana e apical) no explante (região do meristema apical da bananeira) e a suplementação de picloram no meio de cultura (0; 150; 300; 450 e 600 μ M). A formação de calos e embriões, o conteúdo endógeno de poliaminas (PAs) e os níveis de metilação global do DNA foram avaliados. Ao final da avaliação (120 dias) todos os tratamentos resultaram na formação de calos, porém, esta formação iniciou mais rapidamente em explantes da região mediana, seguida da região apical e da região basal. As análises histoquímicas dos calos induzidos com 450 e 600 μ M de picloram revelaram duas regiões distintas, uma zona central, contendo células embriogênicas e uma zona marginal, contendo células não embriogênicas. Os demais tratamentos resultaram apenas em culturas não embriogênicas. As análises de PAs livres totais, Putrescina (Put), Espermidina (Spd) e Espermina (Spm) nas TCLs evidenciaram diferenças significativas dos seus níveis nos tecidos ao longo do eixo do explante, sendo Spd e Spm as mais abundantes no explante antes da inoculação; e Spd e Put nos calos induzidos em meio de cultura suplementado com 450 e 600 μ M de picloram. Os níveis de metilação do DNA global antes da inoculação eram maiores na região apical (42%), seguida pela região basal (34%) e, por fim, a região mediana (29%). Nas culturas embriogênicas os níveis de metilação do DNA global foram menores nos tratamentos com 450 μ M de picloram quando comparados aos tratamentos com 600 μ M de picloram; sendo, respectivamente, 36 e 42% na região basal, 26 e 38% na região mediana e, 28 e 31% na região apical. Os resultados obtidos no presente trabalho demonstram uma dinâmica nos níveis de PAs e metilação do DNA global durante a indução e proliferação de calos em resposta à região utilizada do explante e a concentração de picloram.

Palavras-chave: *Musa* spp.; SCS451 Catarina; Micropropagação



PRODUÇÃO DE MUDAS DE COENTRO SOB DIFERENTES FONTES DE LUZ

Paulo Sérgio Gomes da Rocha¹; Laércio Carlos Lerin¹; Jean Carlos Sakrozenski²; Gustavo Martini²; Júlia Gabriela do Nascimento^{2*}; Diogo Marchezzan²

¹Universidade Regional Integrada do alto Uruguai e das Missões – URI Erechim.

²Colégio Agrícola Estadual Ângelo Emílio Grando. *E-mail: p.sergio.r@uol.com.br

O coentro (*Coriandrum sativum* L.) é uma espécie anual da família Apiaceae, tem sua origem provável no Mediterrâneo ou Ásia Menor sendo cultivado há mais de 3.000 anos. As folhas e sementes são apreciadas na culinária brasileira em diversos pratos. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de diferentes tipos de luz na produção e qualidade de mudas de coentro cultivar Verdão. As sementes foram semeadas em bandejas contendo substrato vegetal comercial Carolina Soil® e mantidas em ambientes escuro até a emergência. Após as bandejas foram transferidas para câmara de crescimento com fotoperíodo de 16 horas e intensidade luminosa de $25 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$. As mudas foram regadas com solução nutritiva de Hoagland. Os tratamentos foram constituídos por LEDs azuis, LEDs verdes e LEDs vermelhos, sendo o tratamento controle a ausência de luz artificial. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado com dez repetições por tratamento. Após 30 dias foi avaliado a altura das plantas, número de folhas, comprimento do sistema radicular e massa fresca da parte aérea e do sistema radicular. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância, sendo as médias comparadas pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade de erro. Houve efeito significativo do tipo de luz para todas as variáveis, exceto para a altura da planta. As mudas cultivadas sob os LEDs azuis apresentaram maior número de folhas. O maior comprimento das raízes (10,65 cm), foi obtido nas mudas mantidas sob os LEDs azuis, seguido pelo tratamento com LEDs vermelhos (8,45 cm). Em relação a massa fresca da parte aérea, pode-se observar que as maiores médias foram obtidas a partir das mudas mantidas sob os LEDs azuis e LEDs vermelhos, os quais não diferiram entre si. Quanto a variável massa fresca das raízes das mudas, pode-se observar um comportamento similar ao da massa fresca da parte aérea, ou seja, as maiores médias foram obtidas a partir das mudas mantidas sob os LEDs azuis e LEDs vermelhos. Para as condições em que o experimento foi conduzido, pode-se concluir que a qualidade da luz exerce efeito na qualidade da muda de coentro.

Palavras-chave: Hortaliça; Qualidade da luz; *Coriandrum sativum* L.



CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Mimosa scabrella* Benth. COM OBJETIVO DE DETERMINAR ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES

Lara Ribeiro Andrade¹; Peggy Thalmayr¹; Alison Paulo Bernadi¹; Miguel Busarello Lauterjung¹; Tiago Montagna¹; Maurício Sedrez dos Reis¹

¹Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais – NPFT; Centro de Ciências Agrárias – CCA; Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC. *lara_ribeiro03@hotmail.com.

Mimosa scabrella Benth., popularmente conhecida como bracatinga, é uma leguminosa florestal endêmica do Brasil e de ocorrência na Floresta Ombrófila Densa (FOD) e Mista (FOM). A bracatinga é uma espécie pioneira de rápido crescimento e possui regeneração natural em áreas perturbadas, degradadas e queimadas, considerada apropriada para usos em ações de restauração ambiental. No contexto da FOM, as populações da espécie estão fragmentadas, degradadas e com reduzidos tamanhos populacionais. Portanto, a caracterização da diversidade genética dessas populações é fundamental para garantir áreas adequadas do ponto de vista genético para a coleta de sementes. Sendo assim, o trabalho objetivou caracterizar geneticamente populações de *M. scabrella* para determinação de áreas e critérios adequados para coleta de sementes na FOM. Para isso, nove sistemas isoenzimáticos foram utilizados para avaliar duas populações da espécie (Bom Retiro - BR e Urupema - UR) no estado de Santa Catarina. Foram obtidas folhas de 48 matrizes espaçadas em pelo menos 50 m entre si, de cada população. Na avaliação de ambas, foram calculados os seguintes índices de diversidade genética: riqueza alélica (A), porcentagem de locos polimórficos (P), número médio de alelos por loco polimórfico (A_p), heterozigosidades esperada (H_e) e observada (H_o) e índice de fixação (f). O número mínimo de matrizes a serem coletadas foi estimado com base nos índices de diversidade genética, buscando manter um tamanho efetivo populacional (N_e) de pelo menos 100 indivíduos. A população BR apresentou um total de 31 alelos e UR um total de 34 alelos. A diversidade genética para ambas as populações foi alta, com valores de $H_e = 0,190$ e $H_o = 0,145$ para BR e valores de $H_e = 0,245$ e $H_o = 0,208$ para UR. O valor de f foi significativo para as duas populações, $f = 0,237$ para BR e $f = 0,156$ para UR ($p < 0,05$). O número adequado de matrizes para a coleta de sementes foi de 34 (BR) e 31 (UR) matrizes espaçadas ao menos de 50 m entre si. Os resultados mostram que ambas as populações teriam potencial para se tornarem fontes de sementes de alta qualidade para projetos de restauração. Por sua vez, a coleta de sementes no número de matrizes calculadas garantirá a representatividade da diversidade genética das novas populações.

Palavras-chave: Bracatinga; Floresta Ombrófila Densa; restauração.

Agradecimentos: CNPq (Lara R. Andrade 123456/2020-1, Alison P. Bernardi 160254/2019-1, Maurício Sedrez dos Reis 305980/2018-1), CAPES (Miguel B. Lauterjung) e BNDES.



PROMOÇÃO DE CONHECIMENTO SOBRE FRUTAS NATIVAS DA FLORESTA ATLÂNTICA EM ALUNOS DO ENSINO FUNDAMENTAL

Debora Rocha Polli¹; Adriana Canal²; Andressa Rodrigues de Almeida²; Tiago de Oliveira Godinho³; Sarah Ola Moreira^{4*}

¹Instituto Federal do Espírito Santo campus Venda Nova do Imigrante. ²Escola Municipal de Ensino Fundamental Luiz Pianzola. ³Reserva Natural Vale (Vale S.A.). ⁴Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). *sarah.moreira@incaper.es.gov.br

Ampliar a divulgação sobre os usos e potencialidades das frutas nativas da Floresta Atlântica proporciona o aumento do consumo, e como consequência, a sua conservação. O objetivo desse trabalho foi avaliar o conhecimento sobre essas frutas em alunos do ensino fundamental e inseri-los em atividades de pesquisa, visando a conservação pelo uso. Participaram do estudo alunos do sexto ao nono ano do ensino fundamental da Escola Luiz Pianzola, uma escola rural do município de Domingos Martins, ES. Foi realizada uma roda de conversa sobre o tema, quando foram levantadas informações sobre o conhecimento prévio dos alunos sobre as frutas nativas da Floresta Atlântica. Posteriormente, os alunos participaram de atividades de caracterização físico-química de pitanga (*Eugenia uniflora* L.), araçauína (*Psidium myrtilloides* O. Berg), araçá (*P. cattleianum* Sabine), jenipapo (*Genipa americana* L.) e jerivá (*Syagrus romanzoffiana* (Cham.) Glassman). Foram medidos o comprimento (CF), largura (LF), massa fresca (MF), firmeza (F) e teor de vitamina C (AA) dos frutos, além do número (NS) e da massa de sementes (MS) em 40 frutos de cada espécie. Os dados foram analisados com estatística descritiva. As frutas tiveram, em média, CF de 18,11; 19,59; 31,27; 24,93 e 81,26mm; LF de 18,81; 43,52; 31,46; 20,87 e 65,14mm; e MF de 6,03; 4,56; 19,26; 7,36 e 84,56g; para pitanga, araçauína, araçá, jerivá e jenipapo, respectivamente. Exceto para araçá e jenipapo, as frutas tinham de uma (jerivá) a 5,08 (araçauína) sementes, com MS variando de 1,31 (pitanga) a 8,19g (araçá). Já a firmeza variou de 1,72N (jenipapo) a 14,34N (araçauína), não sendo possível a avaliação do jerivá. A araçauína e o araçá se destacaram pelo teor de AA, com 248,28 e 389,84 mg de ácido ascórbico/100g de polpa, respectivamente. Foi observado que os alunos não conheciam as frutas nativas da Floresta Atlântica e se surpreenderam ao saber que frutas rotineiramente utilizadas na sua alimentação, como banana, laranja e mamão, não são frutas nativas do Brasil. Dentre as frutas avaliadas nesse experimento, eles tinham o hábito esporádico de consumir apenas a pitanga e araçauína. Ao terem conhecimento do teor de AA das frutas nativas, os alunos se motivaram a aumentar o seu consumo e a plantar novas espécies em suas propriedades rurais.

Palavras-chave: conservação pelo uso; educação ambiental; caracterização físico-química.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo. Bolsistas de Iniciação Científica Júnior.



O GÊNERO *MICONIA* Ruiz & Pav. (MELASTOMATACEAE) NA ESTAÇÃO ECOLÓGICA WENCESLAU GUIMARÃES, BAHIA

Larissa Dias de Souza^{1*}; Adriele Nonato Oliveira²; Lidyanne Aona²

^{1,2} Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas – Herbário do Recôncavo da Bahia.

*larissadias.bio25@yahoo.com.br

A Estação Ecológica Wenceslau Guimarães (EEEWG) representa um significativo fragmento de Floresta Ombrófila Densa, caracterizada por ser uma área de alta diversidade biológica, bem como espécies vegetais endêmicas e ameaçadas de extinção. Melastomataceae possui distribuição cosmopolita, incluindo ca. de 170 gêneros e 5.100 espécies. No Brasil, é representada por 71 gêneros e 1.468 espécies, amplamente distribuídas em todos os domínios fitogeográficos e na Bahia por 39 gêneros e 321 espécies. O objetivo deste trabalho foi realizar um levantamento de espécies do gênero *Miconia* Ruiz & Pav. na EEEWG. A partir do início da pandemia, o trabalho foi desenvolvido por meio de consultas a plataformas online, com base em análise de fotos das exsicatas. Foi elaborado um banco de dados sobre a distribuição das espécies de *Miconia* na área de estudo. As espécies estudadas encontram-se depositadas nos herbários ALCB, BHCb, CEPEC, HURB, HUEFS, HUNEB, HUFU, MBML- Herbarioo, MBM, UPCB e US. Na EEEWG foram encontradas 17 espécies do gênero na área de estudo. São elas: *M. amoena* Triana, *M. budlejoides* Triana, *M. caiuia* E. C. O. Chagas & R. Goldenb., *M. centrodesma* Naudin, *M. ciliata* (Rich.) DC., *M. cinnamomifolia* (DC.) Naudin, *M. dodecandra* Cogn., *M. flammea* Casar., *M. hypoleuca* (Benth.) Triana, *M. latecrenata* (DC.) Naudin, *M. lepidota* DC., *M. mirabilis* (Aubl.) L. O. Williams, *M. nervosa* (Sm.) Triana, *M. paniculata* (DC.) Naudin, *M. prasina* (Sw.) DC., *M. pusilliflora* (DC.) Naudin, *M. splendens* (Sw.) Griseb. *M. amoena* é a única espécie que encontram-se com status de conservação um pouco preocupante. Em relação a distribuição geográfica, *M. budlejoides*, *M. flammea*, *M. paniculata* e *M. splendens*, são espécies encontradas apenas na Bahia. Para delimitação de espécies, os principais caracteres morfológicos, são o formato do caule, tipo de inflorescência, tipos de tricomas, presentes nas folhas, no hipanto, e nos frutos. O estudo do gênero *Miconia* contribuiu consideravelmente com informações relevantes sobre a diversidade da família Melastomataceae para a Estação Ecológica Wenceslau Guimarães, como também sobre a distribuição do táxon no estado da Bahia.

Palavras-chave: Miconieae, Taxonomia, Biodiversidade

Agradecimentos: UFRB, Fapesb



MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE BATATA SOB DIODOS EMISSORES DE LUZ

Paulo Sérgio Gomes da Rocha¹; Thiago Bonafim Zago¹; Lucas Luis Bruschi Demoliner²; Guilherme Henrique Parmigiani¹ Gabriel Renato Ferrazzo¹; Roberta Bilhar¹;

¹Universidade Regional Integrada do alto Uruguai e das Missões – URI Erechim. *E-mail: p.sergio.r@uol.com.br

A batata pertence da família Solanaceae e ao gênero *Solanum*, o qual possui mais de 2000 espécies. Mas, apenas aproximadamente 160 destas espécies produzem tubérculos. Deste montante apenas cerca 20 espécies de batata são cultivadas. A batata é considerada a terceira cultura alimentar mais importante do mundo. O tubérculo apresenta uma grande variedade de cores da casca e de polpa. A crescente demanda mundial por alimentos gera a necessidade do aumento da produtividade, um princípio básico e importante para obter esse incremento é a utilização de mudas com o máximo vigor e sanidade. Sendo as técnicas de micropropagação uma ferramenta amplamente utilizada especialmente na produção de material propagativo com elevada qualidade genética e fitossanitária. A qualidade da luz (fotoperíodo, comprimento de onda e intensidade luminosa), exerce efeito significativo nas plantas micropropagadas. Sendo os LEDs, considerados a fonte de luz mais eficiente por apresentar várias vantagens, tais como a alta eficiência da transformação da energia elétrica em energia luminosa. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes intensidades de luz com LEDs no cultivo *in vitro* de brotações de batata cultivar Macaca. Os tratamentos foram constituídos por diferentes intensidades de fluxo de fótons: 25; 50; 75 e 100 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$, fornecidas por lâmpadas constituídas por 80% de LEDs vermelhos e 20% de LEDs azuis. Sendo o tratamento controle a intensidade de 25 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$. O trabalho foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos da Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões - URI Campus Erechim. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com cinco repetições por tratamento, sendo a unidade experimental constituída por um frasco de vidro com capacidade de 300 mL contendo 40 mL de meio de cultura semissólido com cinco explantes. Após 35 dias de cultivo foi avaliado a altura da brotação, número de folhas e número de gemas formadas por brotação. Os dados obtidos foram submetidos à análise da variância, sendo as médias comparadas pelo teste de Duncan ao nível de 5% de probabilidade de erro. A intensidade luminosa exerceu efeito significativo na multiplicação *in vitro* de batata cultivar Macaca. Foi observado que intensidade luminosa de 100 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ contribuiu para a obtenção da maior altura, número de folhas e gemas formadas por brotação.

Palavras-chave: Micropropagação; *Solanum tuberosum*; Tubérculo



AVALIAÇÃO DE ESTRESSE OXIDATIVO DURANTE A CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE *Passiflora suberosa* L.

Marcela Gomes Vianna¹; Vitoria Elizabeth de Andrade Sampaio¹; Renata de Oliveira Garcia¹; Elisabeth Mansur¹; Georgia Pacheco¹

¹ Universidade do Estado do Rio de Janeiro. *marcelagomes20@gmail.com

Passiflora suberosa L., conhecida como maracujzinho-cortiça, é uma espécie silvestre de maracujá, com potencial agrônomo, ornamental e medicinal. Assim, estratégias que visem à conservação desta espécie, como a criopreservação, baseada no armazenamento em temperaturas ultrabaixas como nitrogênio líquido (-196°C), são consideradas de grande relevância. Entretanto, o processo de criopreservação pode estar associado a danos oxidativos que causam injúrias e resultam em baixas taxas de sobrevivência. O objetivo deste trabalho foi avaliar a ocorrência de injúrias oxidativas durante a criopreservação de ápices caulinares de *P. suberosa* por meio da detecção de malondialdeído (MDA) e da quantificação da atividade das enzimas antioxidantes superóxido dismutase (SOD), catalase (CAT) e ascorbato peroxidase (APX). A quantificação espectrofotométrica do MDA, um biomarcador da peroxidação de lipídios de membrana, foi realizada através do ensaio de substâncias reativas ao ácido tiobarbitúrico (TBARS). Para a avaliação espectrofotométrica da atividade das enzimas antioxidantes, ápices submetidos às diferentes etapas do protocolo de criopreservação foram utilizados para o preparo de extratos em tampão fosfato a 100mM (pH 7,2), contendo 1 mM EDTA e 3 mM DTT. A atividade de SOD foi determinada através da inibição da redução fotoquímica do nitroazul tetrazólio (NBT), enquanto que as atividades da CAT e da APX foram monitoradas através do consumo de H₂O₂, durante 1 minuto, a 240 e 290nm, respectivamente. O conteúdo de MDA nos explantes foi significativamente maior após tratamento com solução crioprotetora e imersão em nitrogênio líquido (1,775 µMol/L e 1,703 µMol/L, respectivamente), quando comparados ao controle (0,4099 µMol/L). Em relação às enzimas antioxidantes, foi observada uma alta e significativa atividade da SOD durante a etapa de pré-cultura (137 U SOD.mg⁻¹ proteína), seguida por um declínio nas etapas seguintes do protocolo. Por outro lado, as enzimas CAT e APX apresentaram um aumento crescente nas suas atividades ao longo do protocolo de criopreservação, principalmente após a etapa de osmoproteção (48,3 e 1.025,8 µmol H₂O₂. mg⁻¹.min⁻¹proteínas). Esses dados contribuirão para o direcionamento do uso de substâncias antioxidantes nas etapas mais críticas do protocolo, com objetivo de atenuar os danos oxidativos e aumentar a sobrevivência após a criopreservação.

Palavras-chave: Maracujá; Conservação *in vitro*; Estresse oxidativo

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ, CNPq.



VARIAÇÃO GENÉTICA E PERFORMANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. CONSORCIADO COM *Jacaranda cuspidifolia* Mart.

Marcela Aparecida de Moraes^{1*}; Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota²; José Cambuim²; Alonso Ângelo da Silva²; Silvelise Pupin²; Selma Maria Bozzite de Moraes²; Mario Luiz Teixeira de Moraes²

¹Faculdade de Ciências Agrônômicas/FCA-UNESP. ²Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/FEIS-UNESP. *marcela.apmoraes@gmail.com

A *Myracrodruon urundeuva* Fr. All (Anacardiaceae) é uma espécie nativa com ampla distribuição no País. Devido à intensa exploração, essa consta na lista oficial de espécies ameaçadas de extinção. Assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar a variação genética e o crescimento em um teste de progênies de *M. urundeuva* em consórcio com *Jacaranda cuspidifolia* Mart. As sementes foram coletadas na região do município de Ribeirão Preto, SP e o teste de progênies foi instalado em janeiro de 2008, com delineamento experimental de blocos casualizados com 30 tratamentos (progênies), oito repetições, uma planta por parcela e espaçamento de 3,0 x 3,0 m, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Feis/Unesp em Selvíria, MS. Em agosto de 2020 foram estimados os parâmetros genéticos pelo procedimento REML/BLUP, a partir dos valores do diâmetro à altura do peito (DAP). O teste de progênies foi considerado, para efeito de análise, com quatro conjunto de dados em relação aos indivíduos: i) todos (POP-T); ii) Só os femininos (POP-F); iii) masculinos (POP-M) e iv) os sem florescimento (POP-S). Verificou-se que na POP-T o coeficiente de variação genética entre progênies foi de 7,30% e coeficiente de variação genética individual de 14,58%. A média do DAP foi de 9,97 cm. Na POP-F a média foi semelhante (9,21 cm), entretanto nas POP-M e POP-S tiveram uma queda na média de 12,3% (8,74 cm) e 53,4% (4,65 cm), respectivamente. Na POP-T os coeficientes de herdabilidade individual ($\hat{h}_a^2$) e o de média de progênies ($\hat{h}_m^2$) foram de 0,17 e 0,26, nessa ordem. Enquanto na POP-M os valores de $\hat{h}_a^2$ e $\hat{h}_m^2$ foram superiores aos da POP-T, na POP-F houve uma queda de 51,47% e 63,73%, respectivamente. A POP-S apresentou comportamento semelhante a POP-F. Estas informações revelam que a POP-F são mais robustas, em contrapartida a POP-S são menores, sendo dominadas pelo *J. cuspidifolia*. Em termos amostrais, os valores de $\hat{h}_a^2$ e $\hat{h}_m^2$ sugerem que a POP-F e a POP-S não possuem uma amostra representativa da POP-T, o que sugere a presença de deriva nessas populações. Porém, é provável que a baixa taxa de sobrevivência (59,2%), no teste de progênies, tenha também interferido nesse processo amostral. Dessa forma, a variação genética para o caráter DAP é considerável. No entanto, a ausência de significância entre progênies sugere que o teste de progênies seja utilizado para a conservação genética *ex situ*.

Palavras-chave: Amostragem; Conservação *ex situ*; Florescimento.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Pontal Flora.



GRAU DE CONSERVAÇÃO DOS ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE *PASPALUM* DA EMBRAPA PECUÁRIA SUDESTE DE ACORDO COM ESTOQUES DE SEMENTES EM CÂMARA-FRIA

Henrique Corrêa Falconi¹; Marcelo Mattos Cavallari²

¹Universidade de Araraquara - UNIARA. ²Embrapa Pecuária Sudeste. *E-mail do autor apresentador: henrique.falconi@hotmail.com

O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste possui 488 acessos de 54 espécies, apresentando potencial de uso como forrageiras ou como cobertura permanente do solo. Os acessos são conservados tanto em campo quanto em câmara-fria (temperatura: 10°C; umidade relativa do ar: 20%). Anualmente, sementes de todos os acessos são coletadas em campo e armazenadas na câmara-fria. Cada lote de sementes armazenado é registrado no sistema corporativo Alelo Vegetal, com informações sobre peso total de sementes, peso de 100 sementes e poder germinativo do lote. Além das sementes em câmara-fria, cópia de segurança das sementes é armazenada em longo prazo (a -20°C) pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, na Coleção de Base. Desta forma, as sementes representam uma forma importante de conservação dos acessos. O presente trabalho teve como objetivo fazer um levantamento da quantidade de sementes de cada acesso armazenada em câmara-fria, e identificar acessos em situação vulnerável de conservação. Para isso, utilizaram-se informações disponíveis no Sistema Alelo Vegetal, referentes aos registros de entrada dos lotes de sementes. Foi obtido o peso total de sementes conservadas de cada acesso a partir da soma dos pesos dos diferentes lotes de cada acesso. Posteriormente, foi estimado o número total de sementes, a partir do peso médio de 100 sementes de cada acesso. Considerando o curto prazo, os acessos foram classificados como “em risco crítico” (de zero a 500 sementes), “em risco” (entre 500 e 1.000 sementes), “vulnerável” (entre 1.000 e 3.000 sementes) e “fora de perigo” (mais de 3.000 sementes). Importante mencionar ainda que cada lote de sementes apresenta uma determinada porcentagem de germinação, porém esta informação não foi utilizada; portanto, os valores totais de sementes efetivamente viáveis são sempre menores que o valor total de sementes conservadas. Constatou-se que 105 acessos (23,5%) encontram-se “em risco crítico”, requerendo ação imediata para garantir sua conservação; 29 acessos (6,5%) foram classificados como “em risco”. Sessenta e um acessos estão em situação vulnerável (14% do BAG). Os demais (249 acessos, correspondendo a 57% do BAG) estão fora de perigo. Apenas 5% dos acessos possuem cópia de segurança na Coleção de Base, o que implica em vulnerabilidade da conservação do BAG como um todo. A realização deste trabalho permitiu a identificação de acessos prioritários para multiplicação, coleta e armazenamento de sementes.

Palavras-chave: germoplasma; conservação; sementes

Agradecimentos: Embrapa



PROPORÇÃO SEXUAL EM ÁRVORES ADULTAS DE *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. PROCEDENTES DE RIBEIRÃO PRETO – SP

Walter Aparecido Ribeiro Júnior¹, Marcela Aparecida de Moraes², Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota³ José Cambuim³, Alonso Ângelo da Silva³ Selma Maria Bozzite de Moraes³ Mario Luiz Teixeira de Moraes³

¹Universidade Estadual de Londrina/UEL. ²Faculdade de Ciências Agrônomicas/UNESP. ³Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP. junior_agro40@hotmail.com.

A *Myracrodruon urundeuva* (aroeira) é uma espécie arbórea nativa, dióica, que ocorre nos biomas caatinga, cerrado e mata atlântica. Infelizmente devido as boas características de sua madeira, essa espécie se encontra na lista vermelha, ameaçada de extinção. A ausência de informações sobre o manejo e a fenologia torna difícil a elaboração de projetos de plantios e produção de sementes da espécie para sua conservação e manutenção da mesma. Assim, o objetivo desse estudo foi verificar a proporção sexual e o tamanho efetivo populacional (N_e), de um teste de progênies de *Myracrodruon urundeuva* consorciado com *Jacaranda cuspidifolia* Mart. O teste de progênies foi instalado em janeiro de 2008 na Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP em Selviria-MS, no delineamento experimental de blocos casualizados, com 30 progênies, 8 repetições e uma planta por parcela, no espaçamento de 3,0 x 3,0 metros. Aos 12 anos de idade, verificou-se que na população em estudo, dos 240 indivíduos existentes no teste 65 apresentaram florescimento ♂ e 63 ♀. A razão sexual (r) na população foi de 0,49, o que corresponde a uma proporção sexual de aproximadamente 1♂:1♀. A população de referência, que deu origem ao teste de progênies, tinha um N_e de 120. Estimando-se o N_e , no teste, a partir do número de plantas com florescimento masculino e feminino foi obtido um N_e de 88. Portanto, houve uma queda de 27% em relação a base genética original dessa população. Essa queda no tamanho efetivo pode ser devido à baixa taxa de sobrevivência (58,3%) e pelo fato que nem todos os indivíduos presentes apresentaram florescimento, principalmente aqueles que foram dominados pelo *Jacaranda cuspidifolia*. Todavia, o presente teste de progênies, apesar do número expressivo de mortalidade, apresenta a proporção sexual esperada na natureza, o que confere a possibilidade de se transformar em um pomar de sementes por mudas em função de proporcionar uma ótima recombinação entre os indivíduos.

Palavras-chave: Conservação; Fenologia; Tamanho efetivo.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq e a Associação de Recuperação Florestal do Pontal do Paranapanema (Pontal Flora).



INTRODUÇÃO DE BANCO DE GERMOPLASMA DE PITAYA NO IFES CAMPUS ITAPINA

Luis Carlos Loose Coelho¹; Pâmela Vieira Coelho¹; Roberto Kirmse¹; João Pedro Silva de Abrel¹; Jhonathan Elias¹; Carolina Maria Palácios de Souza¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo – Campus Itapina. loose.luis07@gmail.com

A pitaya é uma fruteira, pertence à família das cactáceas que tem se destacado no mercado de fruticultura brasileiro. Alguns trabalhos evidenciam que o Brasil é um dos maiores centros de diversidade de pitaya. No entanto, não se dispõe de cultivares que possibilitem a formação de pomares comerciais, para tal se faz necessário a obtenção de acessos que contenham boas características. A conservação dos recursos genéticos das espécies vegetais, bem como a aquisição de uma maior variabilidade genética, visando um possível programa de melhoramento, pode ser feita através de um banco ativo de germoplasma. No município de Colatina-ES, onde se localiza o IFES campus Itapina, a cultura da pitaya ainda é pouco explorada, o objetivo do trabalho foi introduzir acessos de pitaya, tradicionais ou locais, produzidas pela agricultura familiar na Região Noroeste do Espírito Santo. Os cladódios de pitaya foram adquiridos de pequenos plantios no município de Marilândia-ES, sendo obtidas as espécies, (*Hylocereus undatus* Haw.) (frutos de casca vermelha e polpa branca) e (*Hylocereus costaricensis* Web.) (frutos de casca e polpa vermelhas). Foram cortadas estacas de 20 cm, colocadas em uma caixa de areia para enraizamento. Aos 60 dias as mudas foram plantadas em campo. O plantio foi feito no setor de Culturas Perenes do IFES, com 3 linhas e 20 plantas por linha, sendo 30 plantas de cada espécie. Foi acompanhada a altura das plantas, aos 30, 45 e 60 dias após o plantio em campo, fazendo-se uma comparação interespecífica do crescimento inicial. A avaliação estatística foi em DIC, com 10 repetições compostas por 3 plantas cada, para cada uma das espécies. Foi realizada a análise de variância a 1%, não sendo necessário o teste de médias, visto que foram somente duas espécies (tratamentos). A espécie (*H. costaricensis* Web.) obteve as seguintes médias de altura da planta respectivamente aos 30, 45 e 60 dias após o plantio (60,98cm; 68,87cm; 77,1cm), sendo bem superiores as médias de (*H. undatus* Haw.), que foram (31,97cm; 35,67cm; 43,53cm). É provável que a pitaya de polpa vermelha apresente maior crescimento devido a melhor adaptação as condições ambientais do local, ou por características específicas da espécie. A introdução do banco de germoplasma foi um passo importante para a conservação da variabilidade genética de pitaya, além de possibilitar a caracterização dos acessos e o início de um futuro programa de melhoramento genético, visando a obtenção de matrizes com boas características para a região noroeste do Espírito Santo.

Palavras-chave: *Hylocereus*; Conservação; Variabilidade.

Agradecimentos: IFES.



PSYCHOTRIA L. (RUBIACEAE) NA ESTAÇÃO ECOLÓGICA WENCESLAU GUIMARÃES, BAHIA

Adrielle Nonato Oliveira^{1*}; Larissa Dias de Souza²; Wiliam Oliveira Fonseca² & Lidyanne Yuriko Saleme Aona²

^{1,2} Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas – Herbário do Recôncavo da Bahia.

*adrielenonato13@gmail.com

Rubiaceae é a quarta família mais representativa em número de espécies entre as Angiospermas. Apresenta distribuição cosmopolita, porém é mais diversa nos trópicos. O gênero *Psychotria* L. apresenta uma grande divergência filogenética, estando proximamente relacionado a *Palicourea* Aubl., constituindo um grupo parafilético, dividido nos subgêneros *Psychotria* e *Heteropsychotria* Steyerl. Devido a uma expressiva quantidade de espécies na região dos trópicos, *Psychotria* L. é considerado um gênero pantropical, constituindo um dos maiores gêneros de angiospermas, com ca. 1650 espécies. Caracteriza-se por apresentar flores, geralmente, alvas, estípula bífida ou inteira, frutos drupáceos e semente plana-convexa. No Brasil, ocorrem 179 espécies, distribuídas principalmente ao longo dos domínios Atlântico e Amazônico. A Estação Ecológica Estadual Wenceslau Guimarães (EEEWG) representa um importante fragmento de Floresta Ombrófila Densa, com diversas espécies endêmicas e ameaçadas de extinção. O objetivo deste trabalho foi realizar o levantamento de espécies do gênero *Psychotria* na Estação Ecológica Wenceslau Guimarães. Com base em consultas a herbários virtuais, foi montado um banco de dados com as espécies ocorrentes na área de estudo. As espécies encontram-se depositadas nos herbários ALCB, CEPEC, HUEFS, HUNEB, HURB, NYBG, SP, UESC e UFMG. Para a EEEWG, foram encontradas nove espécies de *Psychotria*: *Psychotria bahiensis* DC., *Psychotria cupularis* (Müll.Arg.) Standl., *Psychotria hastisepala* Müll. Arg., *Psychotria leiocarpa* Cham. & Schltdl., *Psychotria mapouriioides* DC., *Psychotria phyllocalymma* Müll. Arg., *Psychotria platypoda* DC., *Psychotria purpurascens* Müll.Arg. e *Psychotria strigosa* Müll.Arg. Na EEEWG as espécies ocorrem principalmente em áreas florestadas. Sendo *Psychotria phyllocalymma* e *Psychotria strigosa* exclusivas da região Nordeste. *Psychotria strigosa* apresenta uma distribuição restrita ao estado da Bahia, enquanto que *Psychotria phyllocalymma*, ocorre nos estados de Alagoas e Bahia, as demais espécies de *Psychotria* possuem uma ampla distribuição. Caracteres morfológicos, como forma e tamanho de estípulas, tipos de inflorescência, morfologia dos frutos, são essenciais na delimitação das espécies. Este estudo faz parte do levantamento de Rubiaceae na EEEWG e visa auxiliar em projetos de conservação na vegetação local.

Palavras-chave: Taxonomia; *Psychotria*; Conservação

Agradecimentos: UFRB, Fapesb



DADOS GENÔMICOS PARA *Spondias tuberosa* Arr. Cam.

Natali Aparecida Santana^{1*}; Crislaine Costa Calazans¹; Valdinete Vieira Nunes¹; Juliana Lopes Souza¹; Renata Silva-Mann¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *nataliknd@gmail.com

O umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arr. Cam, Anacardiaceae) é uma espécie frutífera endêmica ao Bioma Caatinga. É típico do sertão e do agreste e tem sua origem no Brasil, na região semiárida nordestina. O fruto, umbu ou imbu, tem sido explorado para consumo *in natura* e industrialmente na elaboração de geleias, sorvetes, doces, polpas congeladas e sucos prontos para consumo. Suas folhas são utilizadas para fins medicinais. Plantios comerciais são raros e a exploração de seus frutos é baseada no extrativismo. Essa prática aliada ao processo de ocupação do semiárido brasileiro tem provocado a perda da variabilidade genética da espécie, e consequentemente, coloca em risco a manutenção das populações naturais. No entanto, para *S. tuberosa* não há relatos na comunidade científica sobre o número de depósitos de dados genômicos, ainda que a espécie seja de elevada importância socioeconômica, ecológica e cultural para as comunidades do semiárido nordestino. O objetivo desse estudo foi prospectar dados de *S. tuberosa* em bases de dados moleculares, abordando o tipo de sequência depositada e funções às quais estão relacionadas. Foram contabilizados os números de depósitos de sequências de nucleotídeos, proteínas e genes nas bases de dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), o termo "*Spondias tuberosa*" foi utilizado para a busca. Foram encontrados 76 depósitos de sequências de gene de cromossomo mitocondrial, 263 de sequências de nucleotídeos e 345 para proteínas. A maior parte das sequências (88%) são provenientes de cromossomos cloroplastidiais, e em menor quantidade de genoma mitocondrial (12%). O genoma cloroplastidial, o qual contém genes que participam de funções essenciais no metabolismo vegetal, como fotossíntese, síntese de aminoácidos e outras rotas biossintéticas, vem sendo utilizado em estudos evolutivos; enquanto o genoma mitocondrial tem auxiliado no entendimento dos eventos evolutivos de espécies intimamente relacionadas. Informações presentes nesses genomas permitem conhecer a história evolutiva da espécie e viabilizam a inserção desse tipo de informação no planejamento de estratégias de conservação de populações naturais. Portanto, são informações essenciais, principalmente para espécies exploradas de forma extrativista e com sua conservação ameaçada, como é o caso de *S. tuberosa*. Verifica-se o potencial no desenvolvimento de estudos incluindo dados genômicos voltados para a espécie.

Palavras-chave: NCBI; Umbu; Bioinformática.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Universidade Federal de Sergipe e Grupo de Pesquisa em Conservação, Melhoramento e Gestão de Recursos Genéticos.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Trema micrantha* (L.) Blume, Cannabaceae

Fabiano Tramuntinn Soares^{1*}; Brisa Flor¹; Maria Teresa Gomes Lopes¹; Mágnio Sávio Ferreira Valente²; Jennifer Souza Tomaz¹

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Instituto Federal do Amazonas.

*brisaflor@live.com

Como componente essencial da biodiversidade, a diversidade genética permite a adaptação das espécies em ambientes em constantes mudanças. Tem-se verificado a fragmentação de populações das espécies arbóreas na Amazônia devido ao desmatamento para agricultura ou pelo extrativismo, com consequente deriva genética. Com base nisso, torna-se fundamental conhecer e conservar a diversidade genética de espécies arbóreas a fim de atender as necessidades atuais e futuras. *Trema micrantha* (L.) Blume é uma espécie florestal nativa do Brasil, pioneira e de crescimento rápido. Apresenta ampla gama de benefícios, desde uso como matéria prima até na conservação do solo e recuperação das condições normais da floresta e potencial medicinal. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar a diversidade genética de uma população natural de *T. micrantha* localizada no Campus da Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Manaus - AM, por meio de marcadores AFLP. No estudo, foram coletadas folhas de 26 indivíduos e extraído o DNA para realizar as análises com marcadores AFLP (Análise de Polimorfismos de Comprimento de Fragmentos Amplificados). Os dados obtidos foram usados na construção de uma matriz de dissimilaridade por meio do complemento aritmético do coeficiente de Jaccard e posteriormente realizado o agrupamento dos indivíduos e a construção do dendrograma pelo método UPGMA. O programa GenALEX foi utilizado para o cálculo da variação genética na população. As estimativas de diversidade incluíram a heterozigosidade esperada e o índice de diversidade genética de Shannon e Weaver. As análises foram realizadas no programa R. Os valores da heterozigosidade esperada (0,321) e o índice de diversidade genética de Shannon e Weaver (0,490) indicam que existe diversidade genética dentro da população de *Trema micrantha* do Campus da UFAM, e que esta pode ser utilizada em programas de conservação genética *in situ* da espécie e como área de coleta de sementes para reflorestamentos. Os marcadores utilizados no presente estudo revelaram alto conteúdo de informação genética e podem ser utilizados para análises genéticas e manejo da espécie.

Palavras-chave: Recuperação de áreas degradadas; Marcadores AFLP; Espécie florestal.

Agradecimentos: Nossos agradecimentos à Agência Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo financiamento deste estudo.



ESTABELECIMENTO DE UMA COLEÇÃO DE TRABALHO E PARA FINS PEDAGÓGICOS DE VARIEDADES DE MANDIOCA NA ESCOLA RURAL TINA CARVALHO - ERTC

Adenildo Bernardo dos Santos¹, George Teixeira da Costa¹; Antônio de Jesus Argolo¹; Mauto Diniz^{*2}; Helton Fleck da Silveira²

¹ Escola Rural Tina Carvalho, Entre Rios, BA, Brasil. adenildo.santos@fjc.org.br

² Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia. **In memoriam*

A ERTC, unidade da Fundação José Carvalho atende a 600 estudantes dos anos Iniciais e Finais do Ensino Fundamental, residentes no campo e filhos de agricultores, em regime de alternância e internato. A partir de um diagnóstico realizado com famílias de agricultores residentes no Agreste e Litoral da Bahia, identificou-se que 94% destas (universo de 374 famílias) cultivavam mandioca para consumo e produção. Entretanto, esses cultivos tinham baixo rendimento devido ao uso de materiais genéticos de má qualidade genética e fitossanitária. Dessa maneira, foi iniciado um trabalho de coleta de materiais de origem crioula nas comunidades do campo e, em parceria com a Embrapa, foram solicitadas variedades com qualidade genética e fitossanitária. O objetivo foi o estabelecer uma coleção, tanto para multiplicação e atendimento das demandas dos agricultores familiares, como para finalidades pedagógicas. A coleção atual se constitui de 26 variedades: Lagoão, Cravelinha, Formosa, Irará, Mulatinha, Alagoana, Poti, Caipira, Jalé, Corrente, Prata, Sergipe, Amansa Burro, Poti Branca, Dourada, BRS Jari, Gema de Ovo, BRS Brasil, Cacau Amarelinha, Manteiga, Kiriris, Paraná, Big, Nego Não Prova, Vassourinha e Olho Roxo. A coleção está em condições de campo, cultivada em solo argiloso, com espaçamento realizado em fileira dupla de 1,5 m x 0,6m x 0,6m e 40 plantas por variedade. Está dividida em dois blocos sendo Bloco A – 14 variedades de Mandioca para processamento e Bloco B, 12 variedades de mandiocas de mesa. A coleção é utilizada para realização de aulas, desenvolvimento de pesquisas pedagógicas e preservação, multiplicação e transferência de materiais genéticos para produtores, agricultores e famílias de estudantes. O uso dessa coleção está voltado para: compreensão de conhecimentos dos estudantes sobre importância da conservação e cultivo; aumento de áreas produtivas das comunidades beneficiadas com materiais de qualidade varietal; maior integração entre escola e famílias; realização de eventos para formação de multiplicadores; implantação de áreas demonstrativas em comunidades do campo.

Palavras-chave: conservação de germoplasma, *Manihot*, variabilidade genética

Agradecimentos:

Agradecemos a Embrapa por essa parceria que vem contribuindo para agricultura familiar da comunidade campestre.



ABERTURA CARPELAR DE ACESSOS PINHEIRA (*Annona squamosa* L.) E A CONSERVAÇÃO PÓS-COLHEITA DOS FRUTOS

Leila de Paula Rezende^{1*}; José Dailson Silva de Oliveira¹; Aline Evelle da Silva Lima¹; Eurico Eduardo Pinto de Lemos¹

¹Universidade Federal de Alagoas, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Laboratório de Biotecnologia Vegetal. * E-mail: leila@ceca.ufal.br

O Brasil enfrenta problemas com perdas pós-colheita de frutas e resulta em considerável desperdício de alimentos. O tempo de repouso pós-colheita (tempo de prateleira) é importante para estabelecer a logística que envolve determinado fruto, para reduzir prejuízos, uma vez que altera a aparência e as propriedades físico-químicas. Dentro da espécie *Annona squamosa* pode haver grande variação fenotípica, as quais são observadas em folhas e frutos. Utilizar parâmetros morfológicos para quantificar o tempo de prateleira de frutos auxilia na seleção de acessos a fim de integrar programas de melhoramento genético. O objetivo do trabalho foi avaliar o tempo de prateleira de frutos das cultivares Crioula e Verdinha em três diferentes estágios de abertura carpelar (afastamento dos gomos da casca dos frutos). O delineamento foi ao acaso (DIC), esquema fatorial 2x4 (duas cultivares e três estágios de abertura) e dez repetições. No laboratório de pós-colheita do Campus de Engenharias e Ciências Agrárias (CECA/UFAL), os frutos obtidos no Banco Ativo de Germoplasma de Anonáceas foram classificados em três estágios de afastamento carpelar: estágio 1 (0,0 a 2,0mm), estágio 2 (2,1 a 4,0mm), estágio 3 (4,1 a 6,0mm). Os frutos após a caracterização física [peso, diâmetro longitudinal (DL) e diâmetro transversal (DT)] foram postos em bandejas plásticas à temperatura ambiente (27 ± 2 °C) para avaliar o tempo de maturação (amolecimento da casca). As características físico-químicas [sólidos solúveis totais (SST); acidez titulável (AT); peso da casca, polpa e de semente; e número de sementes por fruto] foram avaliadas na maturação. Os frutos no estágio 3 que permaneceram por mais tempo nas plantas, apresentaram maiores diâmetros e peso. As médias para a cv. Crioula foram de 75,14 mm (DL), 81,36 mm (DT) e 255 g, e para a cv. Verdinha, de 74,36 mm (DL), 79,55 mm (DT) e 245 g. Os frutos de ambas cultivares no estágio 3 atingiram a maturação em até 48h após a colheita e os frutos no estágio 2, em até 72h. Os frutos do estágio 1 da cv. Verdinha atingiram a maturação total entre 72 e 96h, e os da cv. Crioula, entre 72 e 120h. O teor de SST e AT foram semelhantes nos três estágios para as duas cultivares, com médias totais de 26,8 °Brix e 0,27 g de ác. cítrico 100⁻¹. Não houve diferença estatística para o rendimento de polpa dos frutos. De uma maneira geral, os frutos da cv. Crioula colhidos no estágio 1, que gastaram maior tempo para maturação, possuem maior tempo de prateleira e com características físico-químicas preservadas.

Palavras-chave: pós-colheita, acidez titulável, melhoramento.



DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE GOIABAS POR MEIO DE CARACTERES QUALITATIVOS

Maria Francisca de Sousa Silva^{1*}; Rafael da Costa Almeida²;
Gérson do Nascimento Costa¹.

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Instituto Federal do Piauí.

*franciscasousa.uema@gmail.com.

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma espécie com uma grande variabilidade genética, que ocorre, principalmente, devido à sua fecundação cruzada e à grande produção de mudas por parte da população, em decorrência do sabor dos seus frutos. Estudos de diversidade genética são extremamente importantes, pois auxiliam na descoberta de genótipos promissores para o comércio e servem de base para programas de melhoramento genético. Tendo conhecimento da popularidade das goiabeiras na região e da escassez das mesmas no comércio local, objetivou-se avaliar a dissimilaridade genética entre genótipos de *P. guajava*, coletados em cidades do leste maranhense. A coleta do germoplasma aconteceu no período de janeiro a junho de 2020, em três cidades da região leste do Maranhão (Coelho Neto; Duque Bacelar e Buriti), onde foram coletados 18 genótipos de goiaba e a caracterização realizada com base em 10 caracteres qualitativos multicategóricos, sendo eles: formato do fruto, textura da casca do fruto, cor da casca do fruto maduro, cor da polpa, espessura do mesocarpo, doçura do fruto, formato da folha, coloração da folha, variação e ondulação da margem da folha. Foi realizada a análise de agrupamento pelo método de Tocher com auxílio do software R. Os caracteres qualitativos foram analisados a partir da moda de cada variável, por genótipo, sem repetição. A matriz de dissimilaridade obtida, adotando-se a distância euclidiana, foi utilizada para o agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher, que detectou a formação de três grupos, com correlação cofenética ($r = 0,73$). O grupo 01 (G3, G13, G14, G5, G12, G8, G1, G10, G15, G2, G7, G16, G17, G18, G11) foi caracterizado por exibir genótipos com frutos de superfície suave à áspera e formato arredondado ou oval e cor da casca variando do verde amarelado ao amarelo. Esse grupo se destaca ainda por apresentar frutos com cores de polpa com diferentes tonalidades de rosa e laranja. O grupo 02 foi formado pelos genótipos G4 e G9 que se diferenciaram por apresentarem frutos com elevada doçura e com cor de polpa branca. O grupo 03 conteve apenas o genótipo G6 que se diferenciou dos demais por apresentar formato oblongo e textura da casca (epicarpo) acidentada. Os genótipos coletados apresentam grande variabilidade, principalmente em termos de cor da polpa e da casca e formato de frutos. A presença de goiabas com polpa branca, laranja e rosa alaranjada evidencia diversidade genética para essa fruteira na região leste do Maranhão, abrindo possibilidade para futuros estudos e coletas, seja para uso e/ou conservação de tais recursos genéticos pelo comércio local ou por universidades da região.

Palavras-chave: Frutos; Método de Tocher; *Psidium guajava*.



GERMINAÇÃO E DESENVOLVIMENTO PÓS-SEMINAL EM GENÓTIPOS DE CAMBUIZEIRO (*Myrciaria floribunda* (H. West Ex Willd.) O. Berg.) IN VITRO

Hilda Rafaella da Silva Santos¹; José Dailson Silva de Oliveira¹; Tatiana Lima Salvador¹; Eurico Eduardo Pinto de Lemos¹; Leila de Paula Rezende^{1*}

¹Universidade Federal de Alagoas, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Laboratório de Biotecnologia Vegetal. * E-mail: leilarezende02@hotmail.com

O cambuizeiro é uma espécie frutífera da família Myrtaceae que ocorre naturalmente nas restingas da região litorânea sul do Estado de Alagoas. Embora seja explorada apenas em caráter extrativista, tem integrado programas de melhoramento genético por gerar interesse comercial devido às suas características de sabor e compostos de ação antioxidante. Um dos maiores entraves na propagação de cambuizeiro é a lentidão e a desuniformidade no processo germinativo. O objetivo do trabalho foi avaliar a germinação in vitro de sementes de acessos de cambuís coletadas no Banco Ativo de Germoplasma de cambuizeiros (BAG-Cambuí) do Campus de Engenharias e Ciências Agrárias/UFAL. O trabalho foi realizado no laboratório de Biotecnologia Vegetal, sendo avaliados quatro tempos de armazenamento (refrigeração a $\pm 8^{\circ}\text{C}$ por 7, 15 e 30 dias e temperatura ambiente por 24h), dois meios de cultivo (água + sacarose e MS) e dois genótipos (com frutos de cor laranja e vermelho), em delineamento ao acaso, esquema fatorial 4x2x2. Antes da introdução in vitro, foi feita a remoção do tegumento das sementes. Foram realizados ANOVA e teste de média Tukey ($p < 0,05$). Os genótipos de cor laranja obtiveram maior percentual de sementes germinadas em meio água + sacarose com sementes armazenadas por 24h (93,33%), e nas mesmas condições, o genótipo vermelho apresentou 80% de germinação. A menor porcentagem germinativa (6,67%) foi observada para o genótipo vermelho em meio MS utilizando sementes armazenadas por 24h. Aos 90 dias após o estabelecimento in vitro, o genótipo laranja apresentou melhor desenvolvimento de raiz (1,78cm) e diferiu do genótipo vermelho, porém em relação à parte aérea, a diferença não foi significativa. O meio água + sacarose foi o adequado para o desenvolvimento das plântulas, apresentando maior comprimento de raiz (2,02cm) e parte aérea (5,13cm). As sementes armazenadas até 7 dias proporcionaram melhor desenvolvimento de plântula. O número de folhas não diferiu entre genótipos, mas foi estimulado pela presença dos sais e vitaminas presentes no meio MS e influenciada pelo tempo de armazenamento. O maior número de folhas foi observado no armazenamento de sementes por 24h. Estes resultados mostraram que existe um comportamento distinto entre os genótipos nas condições que foram impostas, indicando a possibilidade de selecionar plantas com características desejadas em uma população geneticamente diferente.

Palavras-chave: germinação; população melhorada; variabilidade genética.

Agradecimentos: Ao BAG-Cambuí; Universidade Federal de Alagoas (UFAL)



PRODUÇÃO DE SEMENTES CRIOULAS EM ENCANTADO E DOUTOR RICARDO, VALE DO TAQUARI/RS.

Betina Lana Rodrigues Mallagi¹; Eliane Maria Kolchinski²; Elaine Biondo³;
Paulo Roberto Severgnini⁴; Eduardo Mariotti Gonçalves⁵; Thais Benincá⁶;
Gilberto Luiz Zanatta⁷

^{1, 2, 3 e 4}Universidade Estadual do Rio Grande do Sul - UERGS. ⁵EMATER/RS – ASCAR.
⁶ APL das Agroindústrias Familiares do Vale do Taquari/RS. ⁷Sindicato dos Trabalhadores Rurais de Encantado. *betina-mallagi@uergs.edu.br.

As espécies crioulas ou tradicionais representam um patrimônio de extrema relevância para a manutenção da agrobiodiversidade e se constitui a base alimentar de muitas populações locais. Estas espécies foram produzidas e melhoradas pelos agricultores e adaptadas as condições locais de cultivo. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo realizar o diagnóstico da produção e conservação das espécies crioulas produzidas em propriedades familiares nos municípios de Encantado e Doutor Ricardo na região do Vale do Taquari/RS. Foram realizadas entrevistas semi-estruturadas, através de visitas *in loco*, em oito propriedades rurais, no período de setembro a dezembro de 2019. O tamanho médio das propriedades que cultivam sementes crioulas é de 8,6 hectares, indicando a importância da agricultura familiar na conservação da agrobiodiversidade. As espécies mais cultivadas são o milho, feijão, amendoim e arroz. Observou-se uma grande diversidade de espécies e cultivares crioulas de frutas e hortaliças nas propriedades. Observou-se que 50% dos agricultores produzem a mais de 21 anos e que os saberes e práticas foram passados entre gerações. A seleção das sementes para a semeadura é uma prática adotada pela maioria dos agricultores e o armazenamento das sementes ocorre principalmente em garrafas pet, após a secagem. A seleção conforme relatos, padroniza o tamanho dos grãos e tem como objetivo facilitar a semeadura, garantir um melhor estado de plantas e manter a pureza da variedade. Mais de 66% dos agricultores afirmaram que adotam práticas para evitar cruzamentos entre diferentes cultivares de milho, plantam em épocas diferentes e observam uma distância mínima recomendada. Os motivos indicados para a manutenção do cultivo foram preservação ambiental, benefícios à saúde, sabor e qualidade dos produtos, manutenção da biodiversidade e valorização dos costumes familiares. A EMATER/RS-Ascar, Clubes de Mães e Sindicatos dos trabalhadores rurais em conjunto com instituições locais e regionais desempenham um papel importante no incentivo à produção e troca de sementes entre os agricultores. Observou-se que a idade dos agricultores que se dedicam ao cultivo é acima de 50 anos, sendo que um dos desafios para a continuidade de produção na região é a falta de perspectiva de sucessão familiar.

Palavras-chave: variedades tradicionais; agricultura familiar; biodiversidade.



GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE MURICIZEIRO (*Byrsonima crassifolia* (L.) Kunt.) APÓS TRATAMENTO DE PIRÊNIOS COM GA₃

Aline Evelle da Silva Lima^{1*}; José Dailson Silva de Oliveira Oliveira¹; Cibele Merched Gallo²; Eurico Eduardo Pinto de Lemos¹; Leila de Paula Rezende¹

¹Universidade Federal de Alagoas, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Laboratório de Biotecnologia Vegetal. ²Faculdade São Vicente de Pão de Açúcar. *aline.lima@ceca.ufal.br.

Byrsonima crassifolia (L.) Kunt. é uma espécie frutífera nativa da família Malpighiaceae. O gênero *Byrsonima*, com mais de 150 espécies, é amplamente distribuído no território nacional, principalmente nas regiões Norte, Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste. As sementes de murici são envolvidas pelo endocarpo rígido (pirênio), que dificulta o processo germinativo e propagação da espécie. Tratamentos pré-germinativos com embebição em solução de ácido giberélico (GA₃) pode ser uma alternativa viável para superar a barreira física do endocarpo e acelerar o processo de germinação. O objetivo trabalho foi avaliar as concentrações de soluções de GA₃ e o tempo de exposição dos pirênios nas soluções de GA₃ para a superação da dormência. O trabalho foi realizado no Laboratório de Biotecnologia Vegetal. Os frutos maduros, coletados do solo, foram despulpados e os pirênios secos por 24h. Desinfestação dos pirênios foi feita por imersão em álcool (70%) por 1 min, lavagem em água estéril, imersão em NaClO (1%) por 15 min e lavagem em água estéril (3 vezes). Os pirênios foram embebidos em soluções de GA₃ (0, 250, 500 e 1000 mg L⁻¹) por 12, 24, 48 e 72 horas. O delineamento foi inteiramente ao acaso, em arranjo fatorial 4 x 4 + testemunha (sem embebição), totalizando 17 tratamentos, com 4 repetições. Os pirênios foram colocados em caixas plásticas transparentes (com tampas) contendo substrato papel germitest umedecido (3 x peso), e mantidos em sala de germinação (temperatura 25 °C ± 2 °C e luz natural). Na biometria de 100 frutos, obteve-se peso médio de fruto de 2,48g e relação DL/DT menor que 1, ou seja, frutos com formato variando de globoso a levemente achatado. O peso médio dos pirênios de 0,31g corresponde a 12,5% do peso do fruto, as médias dos diâmetros transversal (DT) e longitudinal (DL) foram 7,88 mm e 8,72 mm, e a relação DL/DT maior que 1. Os tratamentos de embebição em solução de GA₃ (concentração e tempo) favoreceram a germinação quando comparados a testemunha. A germinação iniciou-se aos 7 dias, nos tratamentos de embebição em GA₃, e aos 13 dias, no tratamento testemunha. Aos 40 dias, as maiores porcentagem de germinação foram obtidas nas concentrações GA₃ de 1000 mg L⁻¹ de por 12h (56,25%), 500 mg L⁻¹ por 48 h (53,75%) e 0 mg L⁻¹ por 12 h (52,5%). No tempo de embebição por 72h foram obtidas as menores porcentagens de sementes germinadas. O tratamento testemunha apresentou um total de 11,25% germinação.

Palavras-chave: produção de mudas, conservação, germinação.

Agradecimentos: Universidade Federal de Alagoas (UFAL)



CRIOPRESERVAÇÃO DE SEMENTES DE *Vriesea reitzii* Leme & A. Costa BROMELIA NATIVA DA MATA ATLÂNTICA

Francisco Sebastian Montoya-Serrano¹; Lírio Luiz Dal Vesco²; Rosete Pescador³

^{1,3} Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina. ² Departamento de Ciências Naturais e Sociais, Centro de Ciências Rurais, Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail do autor apresentador: sebast.montoya@gmail.com

A Mata Atlântica, bioma ameaçado e amplamente devastado por ações antrópicas contém um dos grupos de plantas muito diversos que são as Bromeliaceae. Cerca de 40% das suas espécies estão enquadradas em alguma categoria de ameaça. Uma destas bromélias, a *Vriesea reitzii*, é afetada pelo extrativismo crescente em virtude de seu uso ornamental e devastação de sua área, sendo classificada na categoria “vulnerável” de plantas ameaçadas. Faz-se necessário assim, o desenvolvimento de protocolos de conservação de material genético como alternativa de manutenção da espécie, possibilitando o reestabelecimento de populações nas áreas naturais. A informação disponível sobre os procedimentos de armazenamento *ex-situ* de espécies de bromélias do Brasil, ainda é incipiente, sendo essencial desenvolver programas eficazes para a conservação da flora nativa. Assim, o objetivo deste trabalho foi estabelecer um protocolo de criopreservação de sementes de *V. reitzii*, coletadas em três diferentes tempos de maturação dos frutos em dias após a antese (DAA), 120, 135 e 150. As sementes foram submetidas: 1) criopreservação por imersão direta em nitrogênio líquido e 2) armazenamento a 4°C. Foi mensurado o conteúdo de água, porcentagem de germinação e o índice de velocidade de germinação (IVG). Observou-se que sementes de 120 DAA apresentaram a maior porcentagem média de umidade (17,6%), significativamente diferente da umidade de sementes de 135 DAA (14,6%) e sementes de 150 DAA (14,4%). Para germinação, observou-se que as sementes não apresentaram diferenças quando comparados os métodos de conservação. Em relação aos tempos de coleta foi evidenciado que sementes de 150 DAA apresentaram maior média significativa (89,6%). Sementes de 135 e 120 DAA tiveram porcentagens de germinação de 76,3 e 70% respectivamente. O maior e significativo IVG médio (17) foi observado em sementes coletadas aos 150 DAA, diferenciando-se de 120 (13,6) e 135 (14,4). Observou-se que a germinação e o desenvolvimento de plântulas ocorreram independentemente de as sementes terem passado pelo processo criogênico ou não. A partir dos resultados obtidos, pode-se inferir que as sementes de *V. reitzii* apresentam um processo de dessecação natural, sendo ele um fator importante na germinabilidade e vigor das plantas, possibilitando a classificação das sementes como ortodoxas. Portanto, a metodologia de imersão direta em nitrogênio líquido (NL) de sementes de *V. reitzii*, sem necessidade de dessecação artificial prévia ou uso de crioprotetores, configura-se uma ferramenta eficiente para um programa de conservação *ex-situ* desta espécie.

Palavras-chave: Bromeliaceae, armazenamento de semente, nitrogênio líquido, germinação, índice de velocidade de germinação.

Agradecimentos: os autores agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina (FAPESC).



AVALIAÇÃO DE MEIOS DE CULTIVO PARA MULTIPLICAÇÃO E PRESERVAÇÃO *IN VITRO* DE ESPÉCIES DE *Manihot*

Livia de Jesus Vieira¹, Alfredo Augusto Cunha Alves², Fernanda Vidigal Duarte Souza², Maria Jenderek³, David Ellis⁴

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Brasil

² Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA, Brasil

³ National Laboratory for Genetic Resources Preservation, Fort Collins, CO, USA

⁴ Centro Internacional de la Papa, Lima, Peru

A conservação *in vitro* de espécies tropicais baseadas no crescimento lento vem sendo utilizada em diversas espécies, entretanto poucos trabalhos relatam a micropropagação *in vitro* e conservação de espécies silvestres de mandioca. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes composições de meios de cultivos para micropropagação de diferentes espécies do gênero *Manihot*. Como material vegetal foi utilizado seis acessos de seis espécies do *Manihot*: BRA-856 (*M. esculenta* ssp. *esculenta*); FLA-XXX-15 (*M. esculenta* ssp. *flabellifolia*), TST-XXX-2 (*M. tristis*), CHL-XXX-2 (*M. chlorostica*), TOM-314-3 (*M. tomentosa*) e RUB-XXX-1 (*M. rubricalis*). Foram avaliados seis meios com diferentes combinações de componentes nutricionais e hormonais (**M1**: MS; **M2**: 12A3 + car (carvão); **M3**: 12A3 - car; **M4**: MS + cin (cinetina) + car; **M5**: MS + cin - car; e **M6**: MS + BA + IAA - car). As avaliações foram realizadas após seis semanas e as variáveis avaliadas foram: número de folhas, número de nós, número de hastes, altura da maior haste (cm), altura da menor haste (cm), área foliar total (cm²), peso seco da parte aérea e peso seco da raiz. As variáveis altura da maior haste, altura da menor haste, área foliar foram obtidas a pelo programa Image Tool a partir de imagens digitalizadas e o peso seco da raiz foi obtido utilizando uma balança semi analítica. Foram utilizadas quatro repetições para cada tratamento, sendo cada repetição constituída por um frasco magenta contendo cinco microestacas. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado em esquema fatorial 6 x 6 (6 espécies x 6 meios de cultivo). As médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade utilizando o programa estatístico SAS 2008. Os resultados estatísticos mostraram que a adição do carvão ativado influenciou negativamente a produção de massa seca das raízes e folhas de *M. esculenta* ssp. *esculenta* e *M. chlorostica*. As maiores áreas foliares em média foram observadas em *M. ssp. esculenta*, *M. ssp. flabellifolia* e *M. chlorostica*, com 18,8, 17,8 e 15,6 cm² respectivamente. De modo geral, o M6 foi o que apresentou maiores médias em todas as espécies avaliadas, entretanto em *M. tristis* esse meio apresentou o menor valor na área foliar. Estas informações mostram a grande variação existente entre espécies de *Manihot* cultivadas *in vitro* o que confirmou a alta influência do genótipo na performance *in vitro* de espécies e acessos de mandioca.

Palavras-chave: micropropagação, mandioca silvestre, conservação de germoplasma.

Agradecimentos: Programa EMBRAPA-LABEX e USDA-ARS-NCGRP



USO DE SISTEMAS DE CULTIVO COM TROCAS GASOSAS NA MICROPROPAGAÇÃO DO BAMBU *GUADUA CHACOENSIS*

Luiza Giacomolli Polesi¹; Marcos Vinícius Marques Pinheiro¹; Marcelo de Souza Marchi²; Rodrigo Ribeiro Arnt Sant'Ana²; Thiago Hiroyuki Ueno²; Miguel Pedro Guerra¹

¹Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV), Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis. ² Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis. *E-mail do autor apresentador: luizagpoles@gmail.com

Bioteχνologias baseadas na micropropagação permitem a obtenção de um grande número de plantas em um reduzido espaço de tempo, além de representar uma excelente forma de conservação para espécies de difícil propagação, tais como os bambus. *Guadua chacoensis*, espécie em estudo, é um bambu nativo da mata Atlântica que apresenta limitações na sua propagação convencional, bem como longos ciclos de floração - média de 27 anos. O uso de sistemas com trocas gasosas em frascos com membranas porosas e biorreatores de imersão temporária têm se mostrado benéfico na micropropagação de distintas espécies. Diante do exposto, o presente trabalho objetivou avaliar o desempenho de brotos de *G. chacoensis* submetidos a diferentes sistemas de cultivo com trocas gasosas. Minitouceiras foram inoculadas em meio MS (Murashige e Skoog) + 13 µM de BAP (6-benzil amino purina). Foram testados 5 diferentes sistemas de cultivo: 1) frascos vedados (controle); 2) frascos com membranas porosas; 3) biorreator RITA; 4) biorreator Plantform; e 5) biorreator do tipo frascos duplos, sendo os 4 últimos sistemas com trocas gasosas. Após 30 dias de cultivo, foram avaliados os parâmetros morfológicos de altura da planta, comprimento da raiz, número de brotos, número de folhas, massa seca e massa fresca da parte aérea e da raiz. O uso de biorreatores com trocas gasosas resultou em brotos com maior qualidade e vigor, beneficiando a aclimatização e posterior sobrevivência *ex vitro* em comparação aos frascos vedados. Biorreatores de frasco duplo e com membranas porosas aumentaram a massa fresca e seca dos colmos, enquanto o uso do biorreator RITA se mostrou benéfico na formação de raízes. O biorreator Plantform influenciou negativamente os parâmetros de altura do colmo, comprimento da raiz e número de folhas em relação ao controle. Este trabalho fornece evidências que o uso de sistemas com trocas gasosas mostra-se benéfico na micropropagação de *G. chacoensis*, contribuindo não apenas para a propagação *in vitro* em larga escala como também para a conservação desta espécie de bambu nativa da mata Atlântica.

Palavras-chave: biorreatores; imersão-temporária; membranas porosas.

Agradecimentos: FAPESC, CAPES e CNPq.



INICIATIVAS DE CONSERVAÇÃO IN SITU/ON FARM DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA NO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Daniela Priori^{1*}; Rosa Lía Barbieri²; Gustavo Heiden³; Irajá Ferreira Antunes⁴; Gilberto Antônio Peripolli Bevilaqua⁵

¹CNPq/Embrapa Clima Temperado. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ^{3;4;5}Embrapa Clima Temperado. *E-mail do autor apresentador: dani_priori@yahoo.com.br.

O mundo está passando por rápidas e constantes mudanças climáticas e por um grande crescimento populacional. Desta forma tem-se que atender uma maior demanda por alimentos, mas não somente em quantidade como também em qualidade. Para isso, é de grande importância a conservação e o uso sustentável da agrobiodiversidade. No Brasil existem várias iniciativas para conservação in situ/on farm de recursos genéticos através de sistemas tradicionais de cultivo, feiras de sementes e também bancos comunitários de sementes crioulas/tradicionais. Essas sementes são mantidas por famílias que conservam, cultivam, usam e efetuam a troca das mesmas, garantindo assim a manutenção da diversidade das plantas para a alimentação e a agricultura. As sementes são cultivadas tanto por agricultores familiares quanto por comunidades tradicionais, como quilombolas e ribeirinhos, e por povos indígenas, os quais mantêm todo o conhecimento associado a este patrimônio genético. Diversas metodologias têm sido desenvolvidas em vários locais nos diferentes estados do Brasil para colocar em prática estratégias de conservação desses recursos genéticos. Desta forma, o objetivo do trabalho foi realizar uma prospecção das iniciativas que estão sendo realizadas no Rio Grande do Sul para a conservação in situ/on farm desse patrimônio genético, através de revisão bibliográfica e entrevistas com informantes-chave. Em todas as regiões brasileiras observamos que há iniciativas de conservação in situ/on farm de um grande número de variedades crioulas de abóbora, batata, batata-doce, feijão, mandioca, melancia, melão, milho e porongo dentre outras. Algumas das iniciativas encontradas são as feiras e festas de trocas de sementes crioulas que se repetem em várias edições ao longo dos últimos anos, os bancos comunitários de sementes, e também grupos organizados de agricultores guardiões de sementes crioulas. Estas organizações, em alguns casos, envolvem instituições parceiras (Associação de Pequenos Agricultores, Cooperativas, Emater, Embrapa, Prefeituras, Universidades), que ajudam e incentivam estas iniciativas de conservação in situ/on farm. No Rio Grande do Sul foram identificados 62 municípios envolvidos em ações de conservação in situ/on farm, com mais de 140 guardiões de sementes crioulas identificados. Abóboras, feijão e milho se destacam em relação aos demais cultivos, pois são conservados em todos os locais pesquisados, o que está relacionado à importância destas culturas para a alimentação dos agricultores.

Palavras-chave: Variedades crioulas/tradicionais; agrobiodiversidade; guardiões de sementes.

Agradecimentos: CNPq (380374/2020-0) pela concessão da bolsa e a Embrapa Clima Temperado.



GERMINAÇÃO EM ACESSOS DE *Stylosanthes* sp.

Aritana Alves da Silva¹; Claudinéia Regina Pelacani Cruz²; Josandra Souza Teles Fonseca³; Ronaldo Simão de Oliveira⁴

¹Universidade Estadual de Feira de Santana. ²Universidade Estadual de Feira de Santana. ³Universidade Estadual de Feira de Santana; ⁴Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano.*arritana.agronomia@gmail.com

As espécies do gênero *Stylosanthes* pertencentes à família Fabaceae, caracterizam-se por possuírem boa tolerância a solos secos e de baixa fertilidade, possuindo um grande potencial de uso, e por isso, o resgate, estudo e conservação desse germoplasma torna-se importante, para que possa ser utilizado pelas gerações atuais e futuras na solução de problemas associados a agropecuária. É de fundamental relevância aprimorar os estudos que envolve a tecnologia e produção de sementes de *Stylosanthes*, entre elas os voltados para viabilidade, que permitem agregar conhecimento a uma utilização racional desse recurso ao avaliar se as metodologias de armazenamentos estão mantendo sua longevidade e conservação. Assim, o objetivo do trabalho foi monitorar a qualidade fisiológica das sementes de diferentes acessos de *Stylosanthes* coletados no Semiárido baiano e armazenados em vasos herméticos contendo sílica gel, no Banco de Germoplasma de Forrageiras da Universidade Estadual de Feira de Santana (BGF-UEFS). Para isso, lotes de sementes de 10 acessos e da cultivar Campo Grande foram selecionados e submetidas a dois tratamentos: sementes escarificadas e sementes sem escarificar, dispostas em um esquema fatorial 2 x 11, com quatro repetições. As sementes foram acondicionadas em papel *germitest* e colocadas em câmara de germinação (BOD), sendo realizadas contagens diárias de germinação durante 14 dias. Os resultados foram apresentados em forma de gráficos de frequência acumulada para cada acesso em relação ao tratamento submetido. A escarificação mecânica proporcionou ainda no primeiro dia de avaliação, uma germinação superior a 25% para praticamente todos os acessos, com exceção apenas do acesso BGF14- P67-14. Observou-se também a estabilização da curva entre o terceiro e sétimo dia de avaliação, onde as sementes atingiram os valores máximos de germinação em todos os acessos. Para a cultivar, os tratamentos foram indiferentes e a curva apresentou praticamente o mesmo desempenho. Desta maneira, é possível afirmar que a escarificação mecânica proporciona a superação de dormência em todos os acessos e o método de armazenamento utilizado proporciona a longevidade das sementes, já que conseguiram manter sua taxa de germinação superior a 80% após cerca de oito a 12 anos em armazenamento.

Palavras-chave: Banco de Germoplasma; Conservação; Qualidade fisiológica.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo auxílio financeiro na realização do trabalho.



MONITORAÇÃO DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DA COLEÇÃO DE FEIJÃO-CAUPI DA COLEÇÃO DE BASE DE GERMOPLASMA-SEMENTE DA EMBRAPA

Juliano G. Pádua¹; Leonel G. Pereira Neto¹; Cássio C. S. Curi¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. juliano.padua@embrapa.br

A coleção de Feijão-caupi da Coleção de Base de Germoplasma-semente da Embrapa (Colbase), é composta pela espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e de outras dez representantes desse gênero, totalizando 5.100 acessos conservados. O objetivo da Colbase é conservar cópias de segurança do germoplasma mantido pelos bancos ativos de germoplasma da Embrapa em condições que possibilitem a manutenção da viabilidade das sementes em longo prazo. Para tanto, as amostras são dessecadas a níveis de conteúdo de água entre 3 e 7%. Após essa dessecação, as amostras são submetidas a um teste de germinação para verificar se possuem qualidade para serem incorporadas à Colbase. É necessário que cada amostra seja constituída por no mínimo 1.500 sementes e apresente no mínimo 85% de germinação. Testes de germinação são realizados a cada 10 anos para avaliar se a viabilidade está sendo mantida, considerando o valor mínimo exigido de 85%. Foram selecionados 2.003 acessos para serem avaliados quanto à qualidade fisiológica das sementes. O teste de germinação foi realizado com duas repetições de 50 sementes dispostas em rolo de papel germiteste em germinador com temperatura constante de 25 °C. O percentual médio de germinação deste conjunto de acessos quando da sua entrada na coleção era de 92,4%. Atualmente, esse valor é de 93,9%. Das amostras avaliadas, 1.430 acessos (71%) não apresentaram variação (5 pontos percentuais para mais ou para menos) no poder germinativo, considerando os valores atuais e os da última monitoração. Foi observado aumento no poder germinativo para 76 acessos (3,8%), devido a questões amostrais dos testes. Redução no poder germinativo superior a 5% foi observada em 497 acessos (24,8%). Apenas 157 acessos (7,8%) apresentaram germinação inferior a 85%, e destes, praticamente metade, 77 (49%) ainda apresentam germinação elevada, superior a 80% e deverão ser submetidas para multiplicação, de forma a manter amostras desses acessos com elevada qualidade fisiológica.

Palavras-chave: Conservação; Feijão-caupi; *Vigna*

Agradecimentos: Embrapa



BIBLIOTECA GENÔMICA ENRIQUECIDA COM SEQUENCIAS SIMPLES REPETITIVAS (SSR) PARA A OBTENÇÃO DE MARCADORES SSR PARA *Brosimum gaudichaudii* TRÉC.

Isadora Vieira Marcelo¹; Fernanda Ancelmo Oliveira²; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes³

¹Estudante de Biologia, IF Goiano-Campus Urutaí, GO. Isadoravieiramarcelo@hotmail.com

²Pós-doutoranda, Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, UNICAMP, SP.

³Pesquisador e Professor, Laboratório de Genética e Biologia Molecular, IF Goiano Campus Urutaí.

Brosimum gaudichaudii Tréc. é uma espécie de porte arbustivo, pertencente à família Moraceae, e com ampla distribuição pelo Cerrado. É uma planta frutífera e de uso medicinal, haja visto que apresenta duas furanocumarinas, bergapteno e psoraleno, que são constantemente utilizadas no tratamento de doenças cutâneas. Dessa forma, a espécie torna-se alvo do extrativismo predatório e a falta de estudos genéticos dificultam a execução de programas de conservação e manejo. Em meio a este contexto torna-se necessário ressaltar a importância dos marcadores microssatélites (SSR) como ferramentas que auxiliam, no estudo da detecção do polimorfismo genético, assim como na comparação de genótipos e quantificação da variabilidade. Os SSRs são frequentes e distribuídos ao acaso no genoma, multialélicos, altamente polimórficos e com herança codominante. Desse modo, contribuem, diretamente, com os estudos de conservação e manejo dos recursos genéticos da espécie. Para isso, é necessário o desenvolvimento de *primers* específicos e a construção de uma biblioteca enriquecida com SSRs. O DNA genômico total foi extraído a partir de um único genótipo a partir de uma amostra de folha jovem utilizando o método CTAB. Foi utilizado o protocolo de Billotte *et al.* (1999), com modificações para construção da biblioteca. O protocolo é composto pelas seguintes etapas: digestão do DNA genômico com a enzima *RsaI*; ligação dos adaptadores *Rsa21* e *Rsa25*; pré-amplificação com o *primer Rsa21*; purificação da PCR usando kit Qiagen; seleção de fragmentos contendo SSR por hibridização de sondas biotiniladas (CT)_n e (GT)_n e recuperados com *beads* magnetizadas ligadas a streptavidina; amplificação dos fragmentos selecionados; clonagem em vetor pGEM-T e transformação em *E. coli*; amplificação dos insertos clonados contendo SSRs, seleção e sequenciamento. Dos 48 clones sequenciados (*forward* e *reverse*), 18 sequências foram descartadas por apresentarem ambiguidade no cromatograma. Das 30 demais sequências foram analisadas e localizamos 10 SSRs usando o programa SSRLocator, totalizando 33% de enriquecimento das colônias. 90% dos SSRs localizados foram perfeitos, e 10% compostos. Por fim, foi possível desenhar e disponibilizar cinco pares de *primers* por meio do aplicativo Primer 3.

Palavras-chave: Mama-Cadela; Marcadores Microssatélites; Genética Vegetal

Agradecimentos: IF Goiano Campus Urutaí e CNPq.



AVALIAÇÃO DE SISTEMAS PARA A GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Dendrocalamus asper* (POACEAE; BAMBUSOIDEAE)

Jênifer Silva Nogueira¹; Gabriela Ferreira Nogueira²; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Jonny Everson Scherwinski-Pereira²

¹Universidade de Brasília. ²Bolsistas Pós-doc CNPq/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor apresentador: jonny.pereira@embrapa.br

Dendrocalamus asper é uma espécie de bambu lenhoso de origem asiática, mas facilmente encontrada no Brasil onde tem sido usada para diversos fins. Trata-se de uma espécie monocárpica, com longos ciclos de floração e com produção irregular de sementes. Assim, nos raros eventos de florescimento é essencial que se estude o maior número possível de fatores envolvidos no seu processo germinativo, de tal forma a gerar informações que subsidiem o melhor entendimento sobre a fisiologia das sementes, a produção de mudas e a conservação da espécie. Neste trabalho objetivou-se avaliar diferentes sistemas e condições para a germinação de sementes de *D. asper*. Para tanto, após a assepsia das sementes, foram testados os seguintes sistemas: 1) caixas do tipo gerbox cobertas com papel germitest umidificado (controle); 2) substrato comercial Bioplant umidificado e distribuído em bandejas de mudas plásticas de 98 células, e; 3) sob condições *in vitro*, em meio de MS (Murashige e Skoog). Todos os sistemas foram avaliados sob duas condições de luminosidade: claro (fotoperíodo de 16 horas e intensidade luminosa de $100 \mu\text{m} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$) e escuro. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 3 (sistemas de germinação) x 2 (condições de luminosidade). Para cada sistema, considerou-se como uma repetição: uma caixa tipo gerbox com papel germitest, contendo 25 sementes; cada conjunto de 10 células/bandeja com substrato, com uma semente/célula; e cada conjunto de 25 tubos de ensaio com uma semente cada. Após 30 dias de cultivo, avaliou-se a percentagem de germinação, considerando-se a emissão do epicótilo como critério germinativo. A interação entre os fatores foi significativa e, portanto, desdobrada. Sob condição de luz, não se verificou diferença estatística entre os sistemas de cultivo, porém, sob ausência de luz, os sistemas papel germitest (35%) e *in vitro* (23%) foram estatisticamente iguais entre si e superiores ao substrato Bioplant (8%). Diferenças estatísticas entre as condições de luminosidade só foram verificadas quando se utilizou substrato comercial, com maior taxa de germinação observada sob condição de luz (20%). Sementes de *D. asper* são classificadas como fotoblásticas neutras, o que corrobora com os resultados obtidos. Embora, o uso de papel germitest tenha provido bons resultados, a germinação *in vitro* possui vantagens, como condições ambientais controladas e disponibilização de explantes livres de contaminação, que podem ser utilizados na etapa de multiplicação *in vitro*. Diante desses resultados, recomenda-se a germinação de sementes de *D. asper* sob condição de luz, em papel germitest ou *in vitro* em meio de MS.

Palavras-chave: Bambu; Sementes; Germinação.

Agradecimentos: EMBRAPA, CNPq, UnB, Instituto Jatobás.



TOLERÂNCIA À DESSECAÇÃO E CRIOPRESERVAÇÃO DE SEMENTES DE BAMBU (*Dendrocalamus asper*)

Jênifer Silva Nogueira¹; Gabriela Ferreira Nogueira²; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Jonny Everson Scherwinski-Pereira³

¹Universidade de Brasília. ²Bolsistas Pós-doc CNPq/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor apresentador: jonny.pereira@embrapa.br

A criopreservação é uma alternativa para conservação *ex situ* de sementes que não toleram a conservação por métodos convencionais. Todavia, o sucesso dessa técnica depende da dessecação das sementes, que garanta o teor de umidade ideal para a conservação nestas condições. Sementes de bambu perdem a viabilidade rapidamente se mantidas em condições naturais. Dessa forma, objetivou-se desenvolver um protocolo simples e eficiente para a criopreservação de sementes de *Dendrocalamus asper*, uma espécie de bambu lenhoso, de origem asiática, mas facilmente encontrada e usada no Brasil. Para tanto, sementes dessa espécie foram dessecadas por 0, 24, 48, 96 e 144 horas em dessecador contendo sílica gel. Após cada período, para verificar o teor de umidade, uma parcela das sementes foi seca em estufa à 105 °C por 24 horas. Uma segunda parcela foi submetida à desinfestação por imersão em álcool 70% por um minuto, seguida de imersão por cinco minutos em cloreto de mercúrio (0,1%) e tríplice lavagem em água destilada e autoclavada. Logo após, visando à germinação, elas foram inoculadas em meio de MS (Murashige e Skoog). Uma terceira parcela das sementes foi imersa em nitrogênio líquido (-196 °C) por 48 horas e, após esse período, foi descongelada à 40 °C por 90 segundos, desinfestada, inoculada em meio de MS e mantida por 30 dias à 25±2 °C, em luminosidade de 100 µm.m⁻².s⁻¹ e fotoperíodo de 16 horas. O processo germinativo foi avaliado semanalmente, por um período de até quatro semanas. Adotou-se a protrusão da radícula como critério germinativo. Utilizou-se delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 7 (períodos de dessecação) x 2 (métodos de conservação: criopreservadas e não criopreservadas), com três repetições de 10 sementes/tratamento. Observou-se que a dessecação das sementes por até 144 horas garantiu um teor de umidade de cerca de 5%. Nesta umidade, as sementes não apresentaram diferenças na germinabilidade tanto para o tratamento controle (não criopreservadas), quanto para sementes criopreservadas. O início da germinação foi observado a partir do sétimo dia de cultivo. Com 14 dias, observaram-se plantas completas, independentemente do tratamento a que foram submetidas. Esses resultados indicam possível comportamento ortodoxo das sementes de *D. asper*. Adicionalmente, a temperatura criogênica não interferiu no desenvolvimento pós-seminal, sendo observada a formação de plantas normais e inteiras com sistema radicular e parte aérea bem desenvolvidos, o que sugere um sistema importante a ser considerado para a conservação *ex situ* das sementes desta espécie. Novos estudos estão sendo realizados para ampliar o uso desta técnica para outras espécies de bambu, sobretudo os endêmicos que estão em risco constante de desaparecerem.

Palavras-chave: Poaceae; Criogenia; Conservação *ex situ*.

Agradecimentos: EMBRAPA, CNPq, UnB, Instituto Jatobás.



CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE SEMENTES DE *Virola surinamensis* (Rol.) Warb. (Myristicaceae) DE DIFERENTES PROCEDÊNCIAS DA AMAZÔNIA

Gabriel de Assis Furquim^{1*}; Aparecida Juliana Martins Corrêa¹; Fátima Conceição Márquez Piña-Rodrigues¹.

¹Universidade Federal de São Carlos – *campus* Sorocaba. *Gabriel.furquim@live.com.

A ucuúba (*Virola surinamensis*) é uma espécie amazônica, encontrada principalmente no estuário, com sementes recalcitrantes, com dispersão zoocórica, barocórica e hidrocórica, madeira leve (0,50 g/cm³), com interesse comercial madeireiro e não-madeireiro e que, por tal característica sofreu forte pressão exploratória ao longo das últimas décadas, seja sobre a madeira, para produção de cabo de vassoura e compensados, seja sobre as sementes, para extração de óleos, para a indústria cosmética. Por isso, houve queda populacional e diminuição da variabilidade genética nos remanescentes e, para se estimar tais perdas, são necessárias análises genéticas. O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética existente em procedências de *V. surinamensis*, localizadas ao longo do estuário amazônico, pela estimação de parâmetros genéticos. Para tanto, foram coletadas 20 sementes (cada), de 82 matrizes, distribuídas em 10 procedências (Jaurucu-Numbi (JN), Jaurucu-Penetecaua (JP), Penetecaua, Marajá, Porcos, Mazagão, Grepicurú, Uraria, Uraria São Pedro (USP) e Areias), entre os anos de 1992 e 1993 e tiveram dois caracteres medidos, com paquímetro analógico: o comprimento (COM) e a largura (LAR) ambos em centímetros. O Formato (F) das sementes foi calculado pela razão entre os caracteres, onde $F = \text{COM}/\text{LAR}$ e, devido ao desbalanceamento dos dados em diversos níveis de análise, foi realizado o processamento dos dados no software SELEGEN/REML-BLUP aplicando o modelo 96 (Delineamento em Blocos Completos, com), de formulação $y = X_r + Z_g + e$. Para se analisar os efeitos aleatórios, foi realizado o Teste de Razão de Verossimilhança (LRT) obtendo as *deviances* do modelo e genótipo. Foram identificados três formatos para as sementes, arredondado ($F > 1,0$), redondo ($F = 1,0$) e oval ($F < 1,0$), este último o predominante (83,8%), seguido do arredondado (15,9%). O teste LRT mostrou que o modelo utilizado apresentou diferenças significativas para todas as procedências para um $\alpha = 1\%$, indicando que o modelo é apto e há variabilidade genética dentro das procedências. Os maiores valores de variâncias genotípica (V_g), fenotípica (V_f) e residual (V_e), para os coeficientes de variação genotípica (CV_g) e residual (CV_e) da largura foram encontrado na procedência JN (2,02815; 2,64171; 0,61355; 10,2%; 5,61%) enquanto para o comprimento, maiores V_g , herdabilidades individuais no sentido amplo (h^2_g) e média do genótipo (h^2_{mc}), acurácia seleção de genótipo (Acc_{lon}), CV_g e coeficiente de variação relativa (CV_r) para a procedência USP (1,18381; 0,81829 $\pm$ 0,2336; 0,98902; 0,994494; 7,81663%; 2,12212). Portanto, esta é a procedência mais indicada para seleção de matrizes e, há diversidade genética nas diferentes procedências para ambos os caracteres, fator importante para a conservação ou mesmo para o melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: Ucuúba; Genética quantitativa; Biometria de sementes.



VARIABILIDADE GENÉTICA DE MUDAS DE *Virola surinamensis* (Rol.) Warb. (Myristicaceae) AO LONGO DO ESTUÁRIO AMAZÔNICO

Gabriel de Assis Furquim^{1*}; Aparecida Juliana Martins Corrêa¹; Fátima Conceição Márquez Piña-Rodrigues¹.

¹Universidade Federal de São Carlos – *campus* Sorocaba. *Gabriel.furquim@live.com.

Virola surinamensis ou ucuúba é uma espécie arbórea de interesse comercial, fortemente explorada desde 1960 com auge em 1980 para as sementes e em 1990 para a madeira. A extração afetou a abundância, distribuição espacial, variabilidade genética e a qualidade do material remanescente, de modo que o Decreto nº 1963/1996 cessou a extração da espécie em florestas naturais e, ainda hoje, seu *status* de conservação é “Em Perigo”, segundo a IUCN. Raramente espécies vegetais se recuperam após forte extração e, tanto a conservação quanto o melhoramento genético devem ser pautados na da estrutura genética das populações, possibilitando estimar parâmetros genéticos, por testes de procedência e progênes. O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética existente em procedências de *V. surinamensis* localizadas ao longo do estuário amazônico, pela estimação de parâmetros genéticos. Para tanto, entre 1992 e 1993, 20 sementes por matriz, de 482 diferentes matrizes foram coletadas em 17 procedências (Mazagão, Juruá, Baquiá, Murupucus, Porcos, Jururá, Mapuá, Arapijô, Marajá, Laguna, Pacoval, Rio Preto, Piarim, Jaurucu-Numbi (JN), Jaurucu-Penetecaua (JP), Penetecaua e Cassianã), semeadas em viveiro e aos 24 meses, tiveram cinco caracteres medidos, com paquímetro: altura (ALT), diâmetro do coleto (DAC), epicótilo (EPI), hipocótilo (HIP) e radícula (RAD). Pelo desbalanceamento dos dados em diversos níveis de análise, o processamento dos dados se deu no *software* SELEGEN/REML-BLUP, aplicando o modelo 96 (Delineamento em Blocos Completos), de formulação $y = Xr + Zg + e$. Para se analisar os efeitos aleatórios, foi realizado o Teste de Razão de Verossimilhança (LRT) obtendo as *deviances* do modelo e genótipo. O teste LRT mostrou que o modelo utilizado apresentou diferenças significativas para um $\alpha=1\%$ para todas as procedências, indicando que o modelo é apto. As maiores herdabilidades individuais no sentido amplo (h^2g) e média do genótipo (h^2mc) ocorreram para ALT, com maior h^2g (0,91211+-1,1028) e coeficiente de variância genotípico ($CV_{gi}=26,59\%$) para Marajá, e de h^2mc para Rio Preto (0,98175). Maiores variâncias genotípica (V_g), fenotípica (V_f) e residual (V_e) para este caractere ocorreu em JN (2,69978; 20,42449; 23,12427). No geral, HIP apresentou valores muito baixos (<0,52805) de coeficiente de variação relativa (CV_r) e altos valores de coeficientes de variação residual (CV_e), de até 36,34% para Jururá. A maior média para RAD ocorreu em Murupucus (15,84 cm), para ALT em Rio Preto (19,63 cm), e para DAC em Pacoval (39,43 cm). Tal dispersão de maiores valores e diferentes magnitudes de acurácias seletivas (Ac_{clon}) indicam que a seleção em cada procedência pode ser específica para um caractere e que houve biodiversidade genética podendo facilitar as estratégias de conservação e melhoramento genético.

Palavras-chave: Ucuúba; Genética quantitativa; Teste de procedências.



CONSERVAÇÃO E USO DE GERMOPLASMA DE MELANCIA NA REGIÃO LESTE DO MARANHÃO

Michelle dos Santos Nascimento^{1*}; Denilson Lopes¹; Maria Santa de Sousa Silva¹; Vanessa de Araújo Sousa¹; Ângela Celis de Almeida Lopes²; Gérson do Nascimento Costa².

¹Universidade Estadual do Maranhão. ²Universidade Federal do Piauí.

*michellebiouema@gmail.com

A melancia (*Citrullus lanatus*) é uma planta anual, herbácea, de hábito rasteiro, originária das regiões secas da África Tropical, com centro de diversidade ao sul da Ásia. Foi introduzida no Brasil durante o tráfico de escravos, sendo o nordeste brasileiro considerado centro de diversidade secundário, onde a conservação é feita por pequenos agricultores. O objetivo desse estudo foi verificar o uso, preferências e conservação de melancias na região leste do Maranhão. O levantamento foi realizado de agosto a setembro de 2020, com agricultores de cidades do leste maranhense (Coelho Neto, Duque Bacelar e Buriti), por meio de entrevista guiada com questionário de dez perguntas. Ao todo foram 40 participantes, 82,5% do sexo masculino e 17,5% feminino, com idades entre 19 e 83 anos. Todos os agricultores responderam que cultivam melancia e que obtêm as sementes de produtores locais (22,5%), ou já possuem as sementes de plantios anteriores (27,5%), entretanto, 55% relataram comprar sementes em lojas de produtos agrícolas. Quando questionados sobre cultivar ou já terem cultivado sementes crioulas ou de variedades tradicionais, 72,5% afirmaram que fazem ou fizeram uso de germoplasma não melhorado, e 90% consideraram importante a conservação desse tipo de semente. As características preferidas pelos agricultores para o cultivo foram: sabor e cor da polpa; cor da casca; tamanho do fruto; quantidade de sementes; resistência a doenças e pragas e tolerância à altas temperaturas. Todos relataram preferência por genótipos com frutos grandes e cascas de tonalidade verde. 81% dos participantes preferem polpa vermelha, 13% rosada, 3% branca, e outros 3% preferem vermelha escura. Entre as variedades melhoradas plantadas, se destacaram: *Crimson Sweet* (72,5%); *Charleston Gray* (37,5%); *Fairfax* (15%); *Congo* (12,5%) e *Omaru Yamato* (5%). Sobre ter algum problema em plantar apenas melancias melhoradas, 62,5% dos produtores rurais responderam que não; 12,5%, sim; 25%, talvez. Por fim, ao serem solicitados a dar uma nota de 1 a 10 sobre a importância da cultura de melancia no Maranhão, 80% dos agricultores deram nota igual ou superior a 9. Os agricultores das cidades do leste maranhense conservam germoplasma de variedades tradicionais, mas optam principalmente pelo plantio de variedades melhoradas com frutos grandes e com polpa vermelha. A região pode ser indicada para a prospecção e coleta de germoplasma, bem como para estudos de diversidade genética, uso e conservação de recursos genéticos.

Palavras-chave: *Citrullus lanatus*; Recursos genéticos; Variabilidade.



CONSERVAÇÃO EX SITU DE *Eucalyptus viminalis*

Weverton Gavlik dos Santos¹; Alexandre Techy de Almeida Garrett²; Evandro Vagner Tambarussi³

^{1,2,3} Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), tambarussi@gmail.com

Ao longo da evolução das florestas plantadas no Brasil, destacam-se alguns gêneros exóticos, dentre eles o *Eucalyptus*. Este gênero tem papel importantíssimo na economia de regiões subtropicais brasileiras, ocupando, ao todo, 1,6 milhão de hectares no território nacional distribuídos principalmente entre os estados do Paraná e Santa Catarina. O *Eucalyptus viminalis* é uma espécie Australiana que é adaptada às condições climáticas do Sul do Brasil e possui grande importância em programas de melhoramento devido à complementariedade com várias outras espécies, gerando heterose. A presente pesquisa teve como objetivo avaliar e estimar os parâmetros genéticos populacionais como o tamanho efetivo (N_e) e os ganhos com a seleção para os caracteres altura (cm) e circunferência a altura do peito (cm) de uma população base de *E. viminalis*, aos 24 meses após o plantio. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, composto por 63 progênies de 18 diferentes procedências naturais da espécie. Foi observado uma alta mortalidade (51%) no experimento até a idade avaliada. Este fato deve-se, principalmente, às 17 geadas severas (entre -2 °C a 0 °C) que acometeram o experimento entre os anos de 2018, 2019 e 2020. A partir das estimativas das variâncias, coeficientes de variação genético individual ($CV_{gi}\%$), tamanho efetivo (N_e) e ganhos com a seleção, foi possível delinear o melhor cenário para a conservação *ex situ* da população. O tamanho efetivo populacional foi de 58 para altura e de 59 para o CAP aos 24 meses. O $CV_{gi}\%$ foi de 7,65 (altura) e 8,84 (CAP). Com estas magnitudes de $CV_{gi}\%$, é possível dizer que existe alta variação genética para ambos os caracteres, o que é crucial em um programa de melhoramento genético, uma vez que populações de baixa diversidade genética podem significar o fim do melhoramento da mesma em poucos ciclos de seleção, com o estreitamento da base genética. A herdabilidade no sentido restrito (h_a^2) foi de 0,12 e 0,34 para altura e CAP, respectivamente. O valor de herdabilidade foi considerado baixo para altura e médio para CAP. O ganho com a seleção foi de 3,10% para a Altura e 13,90% para o CAP com uma intensidade de seleção inicial de 50%. Nesta pesquisa foi possível identificar significativa variabilidade genética para os caracteres entre as progênies de *E. viminalis* de forma que os resultados podem subsidiar um programa de conservação *ex situ* e melhoramento genético da população na região em estudo.

Palavras-chave: Melhoramento Florestal; Tamanho efetivo; Eucalipto.

Agradecimentos: Ao Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF) pelo apoio e doação do material.



EFEITO DOS REGULADORES DE CRESCIMENTO VEGETAL NO ENRAIZAMENTO IN VITRO DE *HIMANTHUS SUCUUBA*, PLANTA MEDICINAL AMAZÔNICA

Lyanna Hellen Sáenz Ramírez^{1*}; Angela Maria Imakawa¹; Suely de Souza Costa²; Maria da Glória Gonçalves de Melo¹; Paulo de Tarso Barbosa Sampaio^{1,2}

¹ Universidade do Estado do Amazonas - Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais;

² Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. *E-mail do autor apresentador: Lyanna.saenz.r@gmail.com

RESUMO

Himantanthus sucuuba Woodson é uma espécie de grande interesse pelo valor fitoterápico atribuído ao látex que apresenta atividade antiparasitária contra *Leishmania amazonenses*, sendo muito utilizado na medicina popular. O extrativismo praticado de maneira indiscriminada nas populações de plantas medicinais no Brasil, promove tanto a destruição do seu habitat como a erosão genética das espécies, o que indica a necessidade da obtenção de mudas por meio de técnicas de propagação *in vitro* que garantam material vegetal de qualidade superior, para os programas de melhoramento genético. O objetivo desta pesquisa foi avaliar o enraizamento de segmentos nodais de *H. sucuuba* utilizando diferentes reguladores de crescimento. Foram utilizados segmentos nodais com aproximadamente 1,5 cm, obtidos de plântulas germinadas *in vitro* e inoculados em meio MS (Murashige e Skoog) em interação com diferentes reguladores de crescimento. Os tratamentos consistiram em T1: Controle; T2: BAP+AIA (0,1 mg L⁻¹+3,0 mg L⁻¹); T3: BAP+AIA (0,1 mg L⁻¹+5,0 mg L⁻¹); T4: BAP+AIA (0,1 mg L⁻¹+8,0 mg L⁻¹); T5: BAP+2,4-D (0,1 mg L⁻¹+3,0 mg/L); T6: BAP+2,4-D (0,1 mg L⁻¹+5,0 mg L⁻¹); T7: BAP+2,4-D (0,1 mg L⁻¹+8,0 mg L⁻¹); T8: BAP+ANA (0,1 mg L⁻¹+3,0 mg L⁻¹); T9: BAP+ANA (0,1 mg L⁻¹+5,0 mg L⁻¹); T10: BAP+ANA (0,1 mg L⁻¹+8,0 mg L⁻¹) e, mantidos em sala de crescimento a 25±2 °C, com fotoperíodo de 16 h. Aos 60 dias foram avaliados porcentagem de enraizamento, número de brotos por gema, presença de calos. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com 3 repetições de 10 explantes. A normalidade dos dados foi comprovada pelo teste de Shapiro-Wilk e os dados foram submetidos à análise de variância, as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. As análises estatísticas foram conduzidas no software MINITAB 18. Foram observadas diferenças significativas em todas as variáveis analisadas sendo T4: BAP+AIA (0,1+8,0 mg L⁻¹) que apresentou os melhores resultados com 30% de enraizamento, 1,15 brotações por gema e 40% de formação de calos em comparação com os outros tratamentos. Porém, os resultados demonstram e confirmam a essencialidade da interação de reguladores de crescimento para a eficiência no enraizamento de segmentos nodais. Esse fato possivelmente está relacionado à ocorrência de compostos fenólicos, sendo comum na iniciação de culturas lenhosas, mesmo quando se empregam tecidos jovens.

Palavras-chave: Cultura de tecidos, espécie medicinal, antiparasitária.

Agradecimentos: CNPq pela concessão da bolsa.



EFFECT OF STORAGE ON THE PHYSIOLOGICAL QUALITY OF *Pterogyne nitens* Tul. SEEDS PRESERVED IN COLD STORAGE

Enrique Benítez León^{1*}; María Carolina Escobar¹; Lourdes González Soria¹;
María Paz Galeano¹

¹Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Agrarias, Carrera Ingeniería Forestal.

*E-mail of the presenting author: ebenitezleon@agr.una.py

Seeds are one of the main genetic resources used to perpetuate a plant species, these can be conserved for different periods, but they gradually lose their viability. In this sense, the storage period of the seeds is a factor that can directly affect the viability of the seeds. The objective of the work was to evaluate the variation of the physical and physiological characteristics of *Pterogyne nitens* Tul. seeds. stored in cold room. The work was carried out in the Forest Seed Laboratory of the FCA-UNA. The population consisted of a batch of *Pterogyne nitens* Tul. seeds. harvested in 2018. The units were made up of groups of seeds that were stored in two types of packaging (polyethylene and glass jars) and analyzed for six different periods (30, 60, 90, 120, 150 and 180 days). The variables evaluated were: germination percentage (PG), germination speed index (IVG) and moisture content (%). The design used was completely randomized in 2x6 factorial in which one of the factors was represented by two types of packaging (polyethylene and glass jars) and the other by six storage periods (30, 60, 90, 120, 150 and 180 days) with 4 repetitions consisting of 50 seeds in each combination of packaging and storage period. For germination, the lowest results were obtained at 120 days (95.5%) and the highest at 60 and 180 days (99.25%). The IVG was 6.94 seedlings day⁻¹ at the beginning of the evaluations (7 days) decreasing to 3.51 seedlings day⁻¹ at the end of the evaluations (14 days), these variables presented significant differences only for the first evaluation, at 7 days, while for the evaluation carried out at 14 days, no significant differences were observed. The moisture content had the lowest result at 120 days in polyethylene packaging (8.18%) and the highest value was found at 60 days in glass packaging (13.07%). According to the values obtained in terms of moisture content, a small difference could be observed, being the glass container the one that presented slightly higher results throughout the 6 months of work. The germination percentage presents differences according to the type of packaging used for the storage of the seeds, while this is not affected by the storage period, while the storage period negatively affects the germination speed and the content of humidity.

Keywords: seed conservation; forest seeds; native species.

Acknowledgments: the authors thank the Center for the Conservation of Native Forest Seeds of the FCA-UNA for the support with the genetic material and the facilities to carry out the work.



PROPORÇÃO SEXUAL EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* EM DIFERENTES EVENTOS REPRODUTIVOS

Keller Barbosa de Lima^{1*}; Arnaldo Patrício Pinhoni Silva¹; Francieli Alves Caldeira Saul¹; José Carlos de Oliveira Junior¹; Marília Gabriela Pereira¹; Fernando Arias Damas de Barros¹; Miguel Luiz Menezes Freitas¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹.

¹UNESP – FEIS, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira-SP. limakeller@hotmail.com

Espécie arbórea nativa do cerrado e da caatinga a *Myracrodruon urundeuva* é uma planta dioica. Dessa forma, é importante conhecer a proporção entre plantas com florescimento masculino e feminino, para efeito de maximização do tamanho efetivo (N_e). Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a proporção sexual em diferentes eventos reprodutivos em um teste de progênies de *M. urundeuva*. As sementes são procedentes de 30 árvores de polinização aberta de *M. urundeuva* de uma população natural de Ribeirão Preto, SP. O experimento foi instalado em 2006, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/UNESP), localizada em Selvíria-MS, no delineamento sistemático tipo “leque” com 30 raios (progênies) concêntricos separados, por um ângulo de 12° e 11 plantas por raio em diferentes espaçamentos. Aos 13 anos após o plantio, no período de agosto de 2019 e 2020, foram realizadas as avaliações de florescimento das árvores de *M. urundeuva*. Para as comparações entre indivíduos femininos e masculinos foi utilizado o teste de qui-quadrado (χ^2). No evento reprodutivo de 2019, a porcentagem de florescimento foi de 77,3%, sendo 105 masculinos e 72 femininas. Os indivíduos que não floresceram correspondem a 22,70% do total. No segundo evento reprodutivo, aos 14 anos de idade houve um aumento nas taxas de florescimento (88,64 %), com 119 masculinas e 84 femininas. Com o teste do χ^2 , verifica-se que, em ambos os eventos reprodutivos não houve diferença significativa no número de indivíduos com florescimento masculino e feminino em relação ao esperado. Contudo, existe diferença significativa entre o número de indivíduos masculinos e femininos. A razão sexual encontrada foi, em ambos os eventos reprodutivos de 0,41, o que representa uma proporção de 1♂:0,7♀, essa diferença pode estar relacionada aos diferentes espaçamentos. A proporção entre os indivíduos masculinos e femininos não se alterou, de modo significativo entre os dois eventos reprodutivos. O tamanho efetivo foi igual a 60, um valor favorável para populações de produção de sementes e/ou de melhoramento, prevenindo endogamia e perdas por deriva genética. A proporção sexual encontrada é próxima ao que ocorre na natureza. Contudo, essa proporção precisa ser equilibrada, o acompanhamento anual do teste é de fundamental importância, para identificação das plantas que ainda não floresceram.

Palavras-chave: Aroeira; Florescimento; Tamanho efetivo;

Agradecimentos: A Pontal Flora, a instituição de pesquisa FEIS, e a bolsa de IC-CNPq, do Instituto Florestal.



SEMENTES DE IPÊ-CASCUDO PODEM SER ARMAZENADAS EM GELADEIRA POR ATÉ 18 MESES SEM PERDER A QUALIDADE

Jailton de Jesus Silva^{1*}; Sara de Souza Alencar²; Janete Rodrigues Matias²; Bárbara França Dantas²; Claudinéia Regina Pelacani¹

¹Universidade Estadual de Feira de Santana.²Embrapa Semiárido. *jj.jailton@outlook.com

Com o avanço da fragmentação florestal provocado pelo crescimento dos centros urbanos, tem se intensificado os problemas ambientais e a necessidade de armazenar e conservar as sementes das espécies de Biomas ameaçados como é o caso das florestas tropicais sazonalmente secas. Com isso há o interesse sobre o conhecimento do armazenamento das sementes de espécies nativas, principalmente as espécies ameaçadas em perigo de extinção como é o caso de *Handroanthus spongiosus* (Rizzini) S. Grose. Essa é uma espécie endêmica do domínio Caatinga e encontra-se classificada na categoria de ameaça “em perigo de extinção”. Sendo assim, esse trabalho teve como objetivo avaliar o comportamento no armazenamento das sementes dessa espécie em diferentes condições de armazenamento. As sementes foram coletadas em árvores-matrizes no Município de Lagoa Grande-PE. O delineamento experimental foi o DIC em esquema fatorial duplo (tempo x condição de armazenamento) com um tratamento adicional (sementes recém-colhidas). As sementes foram acondicionadas em sacos de polietileno e sacos de pano de algodão e armazenadas em ambiente de laboratório, câmara fria, em freezer as sementes foram acondicionadas apenas em sacos de polietileno; as sementes armazenadas em nitrogênio líquido foram mantidas em tubos criogênicos. Foram avaliadas por intervalos de 180 dias até completar 18 meses. As variáveis analisadas foram germinação (%), plântulas normais (%), crescimento da parte aérea (cm) e raiz (cm). As sementes de *H. spongiosus* em laboratório apresentaram uma diminuição na germinação ao longo dos 18 meses, independentemente da embalagem utilizada. As sementes armazenadas em câmara fria com uma temperatura de 10°C e 60% de UR, apresentaram plântulas com maior crescimento de parte aérea. As sementes armazenadas em sacos de polietileno em laboratório tiveram uma diminuição progressiva para o comprimento da raiz, enquanto em sacos de polietileno na câmara fria, freezer e nitrogênio líquido mostraram um aumento a partir do décimo segundo mês de armazenamento. As sementes armazenadas em ambiente de laboratório independente da embalagem utilizada, mostrou ser uma condição desfavorável para o armazenamento de sementes de *H. spongiosus* por um período acima de 12 meses. O ambiente mais indicado para a conservação da qualidade das sementes dessa espécie a longo prazo é em câmara fria, freezer ou nitrogênio líquido. Assim é possível conservar sementes dessa espécie em geladeira sem perder a qualidade pelo período de até 18 meses, uma forma mais acessível e barata em relação às outras condições.

Palavras-chave: Armazenamento; sementes; conservação

Agradecimentos: A CAPES; Embrapa Semiárido.



ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA ESPÉCIE *Dendrobium nobile* Lindl. (ORCHIDACEAE) NO ESTADO DO PARANÁ

Emanoele Cristina Weiss^{1*}; Betty Cristiane Kuhn¹; Juliana Morini Kupper
Cardoso Perseguini¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos.

*weissemanoele@gmail.com

A orquídea *Dendrobium nobile* é estimada por suas flores atraentes sendo uma orquídea ornamental consideravelmente popular. Além disso, é usada tradicionalmente nas preparações de remédios à base de plantas medicinais. A principal forma de propagação vegetativa da espécie é de forma assexuada, diminuindo assim a variabilidade genética da espécie. Neste contexto o presente trabalho teve como objetivo analisar a diversidade genética da espécie *D. nobile* Lindl. (Orchidaceae) no Estado do Paraná, utilizando os marcadores moleculares do tipo microssatélite. O experimento foi realizado no laboratório de Biologia Molecular da Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos, PR, onde foram utilizados 40 exemplares da espécie *D. nobile*, os quais foram coletados nas quatro regiões do estado do Paraná (Norte, Sul, Leste, Oeste), sendo respectivamente as cidades Maringá e Cianorte, Dois Vizinhos e Manguaçu, Guaramiranga e Ponta Grossa, Serranópolis e Matelândia, e cinco orquídeas pra cada cidade foram coletadas. Após a coleta os exemplares foram levados para o laboratório para a extração de DNA com o Kit Wizard® da Promega com algumas modificações no procedimento para obter uma maior quantidade de DNA extraído e com um alto grau de pureza. Posteriormente, foi realizada a PCR utilizando as temperaturas que variaram entre 55 a 55,5°C e três *primers* (ER30; ER45; ER590) que foram descritos para a espécie *D. nobile*. A genotipagem das amostras feitas com os *primers* foi realizada por meio de análises com gel de agarose 2,8% corado com GelRed. Os microssatélites foram analisados pelo número de alelos por loco, pela frequência alélica e pelo conteúdo de polimorfismo (PIC) utilizando os softwares Darwin e Structure. Apesar da utilização de um número baixo de *primers* microssatélites, é possível perceber que há uma diversidade genética alta para a espécie *D. nobile* no Estado do Paraná, principalmente entre as regiões geográficas analisadas. Contudo, dentro da mesma região eles se encontram bem conservadas apenas com algumas exceções, como é o caso da planta coleta na cidade de Serranópolis que mostrou uma alta diversidade em relação ao seu grupo. O PIC para os *primers* foi ER30 (0.3725); ER45(0.3744) e ER59 (0.3047). Com o presente trabalho pode-se perceber a eficiência dos marcadores SSRs para avaliar a diversidade genética da *D. nobile*. Todavia, é necessário a utilização de um número maior de *primers* para que o resultado seja mais concreto.

Palavras-chave: Orquídea; marcador SSR; Diversidade genética.

Agradecimentos: A Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos (UTFPR-DV) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).



QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES EM ACESSOS DE *Vigna unguiculata* (L) Walp

Érika Beatriz de Lima Castro^{1*}; Leslyene Maria de Freitas¹; Angela Maria dos Santos Pessoa²; Emanuel Magalhães da Costa¹; Tomil Ricardo Maia de Sousa³; Ana Kelly Firmino da Silva³; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini⁴.

¹Graduando(a) em Agronomia. Universidade Federal do Ceará; ²Bolsista DCR/FUNCAP/CNPq. Universidade Federal do Ceará. ³Engenheiro(a) agrônomo(a) da Universidade Federal do Ceará. ⁴Professora do Centro de Ciências Agrárias. Universidade Federal do Ceará; *erika-beatriz@hotmail.com.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L) Walp) é uma leguminosa que possui grande importância na produção agrícola, sendo consumida, principalmente, na forma de grãos nas regiões Norte e Nordeste. Desse modo, a qualidade da semente torna-se um dos principais fatores que contribuem na melhoria do rendimento da lavoura e no bom desenvolvimento inicial da cultura, além de ser um aspecto fundamental na conservação desses recursos genéticos nos bancos de germoplasma. Logo, objetivou-se com esse trabalho avaliar a qualidade fisiológica de sementes de feijão-caupi provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da UFC (BAG-UFC). O experimento foi conduzido no laboratório de sementes do Centro de Ciências Agrárias (CCA) da Universidade Federal do Ceará (UFC). Foi realizado o teste de germinação, utilizando-se como tratamento 10 acessos de feijão-caupi, com 4 repetições de 50 sementes para cada genótipo. Esse teste foi feito em folhas de papel tolha do tipo Germitest, previamente umedecidas com água destilada, sendo colocadas, posteriormente, na câmara de germinação do tipo B.O.D (Demanda Bioquímica de Oxigênio). As características avaliadas foram: porcentagem de germinação (PG), índice de velocidade de geminação (IVG), comprimento da parte aérea (CPA) e comprimento da raiz (CR). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Para a característica PG, observou-se a separação em apenas 2 classes distintas, sendo que CE-07, CE-06, CE-53, CE-51, CE-28, CE-03, CE-05, CE-141 e CE-140 apresentaram os maiores valores médios, variando entre 94,5 a 100%. Em relação ao IVG, houve separação em 4 classes distintas, cujos genótipos CE-07, CE-53 e CE-51, obtiveram os melhores desempenhos. Quanto ao CPA, formaram-se 4 grupos, sendo o superior formado por CE-140, CE-53, CE-51 e CE-07. Para CR, formaram-se apenas 2 grupos, sendo eles CE-07, CE-51, CE-06, CE-136 e CE-03 com as maiores médias. Os genótipos CE-07 e CE-51 apresentam elevado potencial fisiológico das sementes.

Palavras-chave: germinação, semente e feijão-caupi.

Agradecimentos: UFC, BAG-UFC, NUMERG.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Acca sellowiana* (O.Berg) Burret COMO INSTRUMENTO PARA DETERMINAÇÃO DE ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES

Igor de Carvalho Aguiar Rodrigues¹; Saimom Poczapski Noro Ribeiro¹; Alison Paulo Bernardi¹; Giulia Fabrin Scussel¹; Miguel Busarello Lauterjung¹; Tiago Montagna¹; Maurício Sedrez dos Reis¹

¹Núcleo de Pesquisa em Florestas Tropicais - NPFT; Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC. *igoraguiar180@gmail.com

Acca sellowiana é uma Myrtaceae de ocorrência restrita à América do Sul. Essa espécie de porte arbóreo ou arbustivo apresenta alto potencial frutífero, além de suas inúmeras propriedades farmacológicas e paisagísticas. Por ser uma espécie nativa de formações florestais bastante fragmentadas e com alto grau de antropização, como a Floresta Ombrófila Mista e a Floresta Estacional Semidecidual, sua utilização em projetos de restauração ecológica é recomendada. O objetivo do trabalho foi definir critérios e áreas de coleta de sementes (ACS) de populações de *A. sellowiana*, utilizando índices de diversidade genética. Duas populações da espécie, localizadas em Urupema (UR) e Bom Jardim da Serra (BJ) foram caracterizadas geneticamente utilizando nove sistemas isoenzimáticos. Foram coletadas folhas de 50 indivíduos adultos de *A. sellowiana*, espaçados entre si no mínimo 50 m em cada uma das populações. Para cada população, foram calculados os seguintes índices de diversidade genética: riqueza alélica (A), heterozigosidades esperada (H_E) e observada (H_O) e índice de fixação (F). Os índices de diversidade genética foram utilizados para estimar o número mínimo de matrizes ($m = 25 * (1 + F)$) a serem coletadas (m) em cada população, visando manter um tamanho efetivo populacional constante ao longo do tempo ($N_e = 100$). Os resultados de diversidade genética foram divergentes entre as duas populações ($A = 26$, $H_E = 0,142$ e $H_O = 0,101$ UR; $A = 22$, $H_E = 0,090$ e $H_O = 0,069$ BJ). Ambas as populações apresentaram H_O menor que H_E , sugerindo um excesso de homozigotos em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, fato este corroborado pelos valores de F positivos e significativos (UR = 0,287; SB = 0,296; $p < 0,05$). Diante dos resultados e visando manter a diversidade genética da população, foi determinado uma quantidade mínima ideal de 33 matrizes para ambas as populações, mantendo-se um espaçamento mínimo de 50 m entre matrizes. É importante salientar que a espécie apresenta grande potencial de usos e os fragmentos florestais estudados podem servir como ACS de *A. sellowiana*, fornecendo sementes com significativa diversidade genética para usos em projetos de restauração ambiental. Tais informações são fundamentais para a manutenção, conservação e propagação de novas populações florestais.

Palavras-chave: Matrizes; feijoa; restauração.

Agradecimentos: Agradecemos ao BNDES pelo financiamento do projeto, bem como a CAPES, FAPESC e o CNPq pela concessão das bolsas.



IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES NATIVAS PARA USO ORNAMENTAL

Diogo Venâncio de Medeiros¹; Angela Maria dos Santos Pessoa²; Witalo da Silva Sales³; Elisandra da Silva Sousa¹

¹Graduando em Agronomia. Universidade Federal da Paraíba. Areia -PB, Brasil.

²Bolsista DCR/FUNCAP/CNPq, Universidade Federal do Ceará. Fortaleza - CE, Brasil.

³ Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal da Paraíba, Areia – PB, Brasil.

As plantas nativas têm sido alvos de estudos científicos em várias partes do mundo, devido suas potencialidades de usos, como o ornamental, além da importância na conservação das espécies. Esse trabalho teve como objetivo prospectar e caracterizar espécies nativas com potencial ornamental das Microrregiões do Brejo e Curimataú paraibano. Foi realizada levantamentos de materiais vegetais depositados no Herbário Jaime Coelho de Moraes, no CCA/UFPB para identificar espécies nativas com potencial ornamental. Posteriormente, foram realizadas expedições de identificação e caracterização de plantas das microrregiões do Brejo e Curimataú Paraibano com potencial para uso como planta ornamental. As plantas identificadas foram caracterizadas morfológicamente, avaliando-se a altura da planta, comprimento e largura da folha, diâmetro do caule, frequência de plantas na área, comprimento e cor da flor. As caracterizações levaram em consideração três indivíduos da mesma espécie. As plantas foram categorizadas como: plantas de jardins, plantas para vasos e plantas multifuncionais. Os dados quantitativos foram sistematizados por meio de medidas de posição e variação. Existem uma ampla diversidade de plantas nativas com potencial ornamental nessas regiões. No município de Areia (Brejo paraibano) identificou 10 espécies de cinco famílias botânicas, recomendadas para uso como plantas ornamentais de jardins, vaso e folhagem. O maior número de espécies foi encontrado na família Acanthaceae (*Ruellia asperula* (Mart. ex Nees) Lindau, *Ruellia paniculata* L. e *Ruellia geminiflora* Kunth) e na Asteraceae (*Parthenium hysterophorus* L., *Sphagneticola trilobata* (L.) Pruski e *Conocliniopsis prasiifolia* (DC.) R.M.King & H.Rob.). No levantamento das plantas nativas no município de Algodão de Jandaíra (Curimataú paraibano), foi possível identificar 12 espécies de plantas com potencial ornamental pertencente a diferentes famílias botânicas, com diferentes tonalidades de cores. A maior quantidade de espécies foi identificada na família Convolvulaceae (*Evolvulus glomeratus*, *Jacquemontia agrestis*, *Ipomoea longeramosa*, *Jacquemontia multiflora* e *Ipomoea nil*) e na família Malvaceae (*Sida galheirensis*, *S. ciliaris*, *S. cordifolia* e *Melochia tomentosa* L. (alguns autores relatam como da família Byttnerioideae)). As 22 espécies analisadas apresentam grande potencial ornamental para diversos usos e efeitos paisagísticos e estimula o uso de espécies nativas do ecossistema local.

Palavras-chave: Caracterização, paisagismo, plantas autóctones.

Agradecimentos: PIBIC, CNPq, UFPB.



AÇÕES DE CONSCIENTIZAÇÃO PARA A CONSERVAÇÃO E O USO SUSTENTÁVEL DE RECURSOS GENÉTICOS DOS BUTIAZAIS

Marene Machado Marchi¹; Claudete Clarice Mistura¹; Rosa Lía Barbieri²

¹Bolsista, Embrapa Clima Temperado. ²Embrapa Biotecnologia e Recursos Genéticos.
*marene.marchi@gmail.com

Butiazais são populações de palmeiras do gênero *Butia* que ocorrem na Argentina, Brasil, Paraguai e Uruguai. Estão ameaçados devido ao estabelecimento de monoculturas em grandes extensões e à expansão imobiliária no litoral. A Rota dos Butiazais é uma rede internacional, liderada pela Embrapa, que conecta as pessoas para conservação e uso sustentável dos butiazais. Com o objetivo de conscientizar as pessoas sobre a importância da conservação in situ e do uso sustentável dos recursos genéticos dos butiazais, a Rota promoveu a realização de oficinas de artesanato, culinária, educação ambiental, produção de mudas, empreendedorismo e certificação do extrativismo de butiá. As oficinas de artesanato e culinária com butiá demonstraram as diferentes formas de uso e a possibilidade de geração de renda para artesãos e agentes da comunidade, valorizando a identidade local. Com base em boas práticas de extrativismo, foi explorado o uso das folhas e fibras da polpa do fruto, incluindo técnicas e saberes dos artesãos. Nas oficinas de culinária foram apresentadas boas práticas de higienização e armazenamento dos frutos, com elaboração de suco, licor, bolo e geleia de butiá. As oficinas de produção de mudas difundiram técnicas de propagação dos butiazeiros. As de empreendedorismo e certificação do extrativismo de butiá alertaram sobre as boas práticas e as formas legais de utilização dos butiazeiros, pois como são espécies nativas ameaçadas de extinção, só podem ser utilizadas seguindo a legislação ambiental. Antes de cada oficina foi feita uma apresentação do Projeto da Rota dos Butiazais, mostrando a importância e a diversidade destes ecossistemas, os serviços ecossistêmicos, a história do uso das folhas dos butiazeiros no passado e a cultura associada aos butiás. Estes encontros incluíam uma degustação de suco, biscoitos, cucas, bolos e geleia de butiá, para apreciarem os sabores que podem ser explorados na culinária. De 2016 até março de 2020 foram oferecidas 19 oficinas de artesanato, 7 de culinária, 15 de educação ambiental, 3 de produção de mudas, 1 de empreendedorismo e 3 de certificação do extrativismo. As oficinas foram oferecidas de forma gratuita para grupos de artesãos, agricultores familiares, universidades, escolas públicas e privadas. No Brasil as oficinas foram realizadas em 16 municípios e no Distrito Federal. No Uruguai em três e na Argentina em duas localidades. As oficinas da Rota dos Butiazais são ações de conscientização do público em geral sobre a importância da conservação e do uso sustentável dos recursos genéticos dos butiazais. Com a participação de uma grande diversidade de pessoas, contribuem para que a sociedade se identifique como guardiã dos seus recursos naturais, utilizando-o de forma sustentável e valorizando a sua biodiversidade.

Palavras-chave: *Butia* sp.; Educação Ambiental; Patrimônio Natural.

Agradecimentos: apoio financeiro da Transmissora de Energia Sul Brasileira S/A (TESB) e ao MCTIC (CNPq, projeto Nexus 441493/2017-3), assim como à SEMA/RS e UFPEL.



INVENTÁRIO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PATAUÁ

Renan de Freitas Mira¹; Maria do Socorro Padilha de Oliveira²

¹Bolsista DTI-C CNPq. ²Embrapa Amazônia Oriental. *E-mail do autor apresentador: renanfmufra@gmail.com

Oenocarpus bataua Mart., conhecido comumente por patauá, é uma palmeira arbórea monocaule nativa da Amazônia cujo germoplasma vem sendo conservado a campo, em vista de possuir sementes de comportamento recalcitrante e apresentar escassez de conhecimentos sobre outros métodos de conservação. O objetivo do trabalho foi realizar inventário do Banco de Germoplasma de Patauá da Embrapa Amazônia Oriental. Para tanto foi feito um levantamento de 100 % das plantas e dos acessos existentes no BAG – Patauá, área I da Base física localizada a aproximadamente 15 Km na Sede da Embrapa Amazônia Oriental, em Belém, PA. Essa área foi instalada, em 1989, com 50 acessos e 10 plantas por acesso, no espaçamento de 7 m x 5 m, totalizando 500 plantas. Os dados coletados foram organizados e digitados em planilhas do Excel, para serem inseridos na base de dados do ALELO, contabilizando o número de plantas vivas por acesso e porcentagem de perdas. No período do estudo foram constatadas porcentagens consideráveis de perdas (acima de 70%) das 500 plantas representativas dos 50 acessos dessa área do BAG – Patauá, com um acumulado de 357 e 365 plantas mortas, nos anos de 2018 e 2019, respectivamente. No inventário feito em 2018 houve registro de plantas mortas em todos os acessos, com doze deles apresentando 90% de perdas. Vale ressaltar que os resultados referentes a esse ano são cumulativos e expressam todas as perdas ocorridas nessa área, ou seja, desde o plantio, com os 50 acessos sendo representados por 143 plantas. Em 2019, a taxa de perda foi de 2,24% em relação ao ano anterior, sendo verificado em oito acessos, com dois deles possuindo perda total (12005 e 22022). Por outro lado, o acesso com O número de plantas vivas no último levantamento foi de 135, todas em fase reprodutiva e representando 48 acessos, com sete deles tendo apenas uma planta. Essa porcentagem expressiva de perda acumulada (73 %) tem sido ocasionada tanto por problemas abióticos (veranico, ventos fortes e raios) quanto pelos bióticos (pragas). Neste último caso em razão da alta suscetibilidade do patauá ao coleóptero *Dynamis borassi*, que ataca várias espécies de palmeiras, e cujas larvas vorazes fazem galerias no estipe, no capitel de folhas e nas inflorescências levando à morte da planta. Logo, pode-se considerar que os acessos do BAG – Patauá estão sob ameaça de erosão genética e necessitam de medidas urgentes que venham a reduzir as perdas.

Palavras-chave: *Oenocarpus bataua*; Palmeiras; conservação a campo.

Agradecimentos: à Embrapa pelo financiamento da pesquisa e ao CNPq pela bolsa DTI ao primeiro autor.



VARIAÇÃO GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Jacaranda cuspidifolia* Mart. PROCEDENTES DE ÁREA DEGRADADA

Francieli Alves Caldeira Saul⁽¹⁾; Daniele Fernanda Zulian⁽¹⁾; José Carlos Oliveira Junior⁽¹⁾; Arnaldo Patrício Pinhoni Silva⁽¹⁾; José Cambuim⁽¹⁾; Regivan Antônio de Saul⁽¹⁾ Alexandre Marques da Silva⁽¹⁾; Mario Luiz Teixeira de Moraes⁽¹⁾

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP);
francieli.alves@unesp.br

Jacaranda cuspidifolia é uma espécie arbórea que pertence à família Bignoniaceae, é uma planta decídua, heliofita, pioneira e xerófita, característica de encostas rochosas da floresta latifoliada e transição para o cerrado, é amplamente utilizada em recuperação de áreas degradadas, principalmente áreas que apresentam baixa resiliência, como é o caso de áreas de empréstimos, que necessitam de espécies aptas as condições edáficas. O objetivo desse trabalho foi verificar a variabilidade genética de uma população de *J. cuspidifolia* procedente de uma área degradada, a partir de um teste de progênies, com a proposta de contribuir para conservação genética *ex situ* dessa espécie. O teste foi instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/UNESP), em Selvíria-MS, em fevereiro de 2019. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, uma planta por parcela, 29 repetições, no espaçamento de 3 x 3 m. Em setembro de 2020 foram mensurados dados de altura (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e sobrevivência (SOB). As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP). A SOB foi alta (99,0 %), e a média de ALT e DAP foram de 2,62 m e 9,3 cm, respectivamente, esses dados indicam uma excelente adaptação da espécie no local de plantio e um ótimo desenvolvimento. A análise de *deviance* foi realizada a partir do teste de razão de verossimilhança (LRT) e apresentou valores significativos a 1% com um grau de liberdade para a ALT e DAP, mostrando uma diferença significativa entre as progênies. Para o caráter ALT, o coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies, acurácia e o coeficiente de variação genética foram de 0,63; 0,80 e 11,13%, para o DAP, esses coeficientes foram de 0,19; 0,78 e 11,72%. (Aqui o mais importante é o coeficiente de variação genética e não o experimental). Assim, essa população de *Jacaranda cuspidifolia*, selecionada em uma área degradada, evidencia alta adaptação, bom desempenho para os caracteres de crescimento (ALT e DAP) e base genética que permite a sua utilização em programas de conservação e de melhoramento genético, visando a produção de sementes, com qualidade genética, para serem utilizadas em plantações de fomento no Bósa sul-mato-grossense.

Palavras-chave: cerrado; conservação; variabilidade.

Agradecimentos: Associação de Recuperação Florestal do Pontal do Paranapanema, Pontal Flora.



CRIOPRESERVAÇÃO DE GRÃOS DE PÓLEN DE ESPÉCIES SILVESTRES DE *Passiflora* L.

Michele dos Santos Ferreira^{1*}; Ronilze Leite da Silva da Conceição²; Eva Maria Rodrigues Costa³; Claudinéia Regina Pelacani Cruz¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza²

¹Universidade Federal de Feira de Santana. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura.

³Faculdade Maria Milza *micheledoze@gmail.com

A conservação de grãos de pólen pode ser uma estratégia complementar para conservar a variabilidade genética de diversas espécies vegetais. Além disso, permite novas possibilidades aos programas de melhoramento genético ao conservar parentais masculinos para hibridações interespecíficas, e torna possível a polinização controlada entre espécies que apresentam assincronia de florescimento. A criopreservação, que consiste no armazenamento desses grãos de pólen em temperatura ultrabaixa, em torno de -196°C , é uma alternativa promissora, já que é uma conservação de longo prazo, mantendo a viabilidade polínica. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a criopreservação de grãos de pólen de quatro espécies silvestres de *Passiflora* L. a fim de dar início ao estabelecimento de um protocolo de criopreservação de *Passiflora* spp. do Banco Ativo de Germoplasma de maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Os grãos de pólen utilizados neste trabalho foram provenientes de anteras coletadas de diferentes flores ($n = 9$) em fase de antese. As espécies utilizadas foram: *P. gibertii* N. E. Brown, *P. kermesina* Link & Otto, *P. pohlii* Mast e *P. rubra* Linn. Os grãos de pólen foram submetidos a três tratamentos: grãos de pólen recém colhidos (T1), dessecados em sílica gel por 1 hora (T2) e dessecados em sílica gel por 1 hora e em seguida imersos em nitrogênio líquido por 24 horas (T3). Para verificar a germinação dos grãos de pólen eles foram distribuídos nas placas de Petri contendo meio de cultura SM suplementado com 30% de sacarose. Em seguida, as placas de Petri foram mantidas em temperatura controlada ($27 \pm 1^{\circ}\text{C}$) no escuro por 24 horas, antes da realização da contagem de grãos de pólen germinados. Foram considerados grãos de pólen germinados aqueles que apresentaram tubo polínico de tamanho igual ou o dobro do diâmetro do grão de pólen. Para cada tratamento foram avaliadas três placas de Petri, sendo contabilizados para cada placa de Petri a germinação de pelo menos 100 grãos de pólen com auxílio de estereomicroscópio, totalizando 300 grãos de pólen. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado totalizando três tratamentos e três repetições, sendo cada repetição uma placa de Petri. As espécies obtiveram bons valores de germinação em T1, sendo: 45%; 29%; 48% e 60%, respectivamente. Em T2 não houve diferença estatística quando comparadas ao T1. Para T3 foi observado acentuado declínio na germinação de pólen em *P. gibertii* e *P. kermesina*, ambas obtiveram 2% de germinação. Em *P. pohlii* e *P. rubra*, houve resposta positiva ao T3, apresentando 36% e 32% de germinação de grãos de pólen, respectivamente. A partir dos resultados obtidos, pode-se concluir que, apesar dos valores promissores obtidos com *P. pohlii* e *P. rubra* novos tempos de dessecação podem ser implementados para otimizar esses resultados, já que na criopreservação, esse fator pode ser crucial para o sucesso do estabelecimento de um protocolo eficiente. Além disso, testes *in vivo* também devem ser considerados para complementar os dados e verificar eficácia do protocolo.

Palavras-chave: conservação; melhoramento genético; polinização.

Agradecimentos: Fapesb e CAPES.



SISTEMA DE REPRODUÇÃO E TAMANHO EFETIVO EM PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. ALEMÃO

Francieli Alves Caldeira Saul⁽¹⁾; Silvelise Pupin⁽¹⁾, Keller Barbosa de Lima⁽¹⁾;
Marília Gabriela Pereira⁽¹⁾; Daniele Fernanda Zulian⁽¹⁾; Lara Comar Riva⁽¹⁾;
Mario Luiz Teixeira de Moraes⁽¹⁾; Miguel Luiz Menezes Freitas⁽²⁾

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP); ²Instituto Florestal; francieli.alves@unesp.br

Myracrodruon urundeuva All. pertence à família *Anacardiaceae*, é uma espécie dioica, e em função disso sua reprodução ocorre por meio de fecundação cruzada, e a polinização é realizada principalmente por abelhas. O objetivo do trabalho foi quantificar a proporção sexual e o tamanho efetivo de um teste de progênies de *M. urundeuva* procedentes de Ribeirão Preto-SP. O teste de progênies foi instalado a partir dessa população de *M. urundeuva*, formada por sementes de polinização aberta de 30 árvores matrizes, em Selvíria-MS, denominado “multi-espécies”, instalado no delineamento em blocos casualizados: 30 tratamentos (progênies), 14 repetições e uma planta por parcela, consorciada com *Jacaranda cuspidifolia*, *Cordia trichotoma* e *Mabea fistulifera*. Aos 13 e 14 anos após o plantio, no período de julho a setembro de 2019 e 2020, foram avaliados a sexagem por meio do florescimento: número de machos (Nm) e número fêmeas (Nf) monoico (Mo) e sem florescimento (Sf). As análises estatísticas foram realizadas com base no teste do qui-quadrado (χ^2), partindo-se da hipótese de que a frequência esperada era de 1♂:1♀. Verificou-se a porcentagem de indivíduos que floresceram em 2019, foram Nm (21,34%), Nf (19,0%), Mo (1,1%) e Sf (58,47%), em 2020 foram Nm (40,35%) e Nf (32,64%), Mo (2,37%) e Sf (24,62%). O tamanho efetivo (N_e) foi esperado em 120 (30 árvores de polinização livre x 4 N_e arv.⁻¹), assumindo-se 1♂:1♀, portanto o N_e em 2019 representou 20% do esperado, e em 2020 foi de 42% do esperado, essa variação ocorreu devido a diferença de indivíduos que floresceram em cada ano, sendo que em 2019 esse número foi muito inferior em relação ao florescimento de 2020. A partir da análise do teste de qui-quadrado pode-se observar que a hipótese H_0 (1♂:1♀) não foi rejeitada em 2019: ($\chi^2 = 1,01^{ns}$). Porém, em 2020 essa hipótese foi rejeitada ($\chi^2 = 4,59^*$) a 5% de significância para 1 grau de liberdade. Dessa forma, a proporção sexual encontrada foi de 1♂:1,2♀ (2019) e de 1♂:0,8♀ (2020). Também foi possível observar, quando se compara os dois anos quanto ao florescimento total, que não houve significância entre os anos ($\chi^2 = 0,37^{ns}$). Verifica-se, que em 2019 e 2020, que a proporção para o florescimento ♂ e ♀ foi próxima do esperado: 1♂:1♀. Esse tipo de informação é fundamental para o conhecimento da recombinação que pode haver em um teste de progênies em função dos eventos reprodutivos, da base genética e da qualidade das sementes que forem obtidas para a recomposição de áreas degradadas, por exemplo.

Palavras-chave: espécie dioica; florescimento; população.

Agradecimentos: Associação de Recuperação Florestal do Pontal do Paranapanema, Pontal Flora.



DEFINING EFFICIENT STRATEGIES FOR THE CONSERVATION OF NATIVE FOREST SPECIES OF PARAGUAY

Enrique Benítez León^{1*}; Lourdes González Soria¹; María Carolina Escobar¹; Laura Rodríguez Yakisich²

¹Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Agrarias, Carrera Ingeniería Forestal.

²Fundación Moisés Bertoni

*E-mail of the presenting author: ebenitezleon@agr.una.py

The Alto Paraná Atlantic Forest is one of the ecoregions that maintains a large amount of forest remnants, it includes the countries of Brazil, Argentina, and Paraguay. In recent decades, pressure on the ecoregion has increased considerably, mainly due to the great productive potential of its lands. The use of ex situ and in situ conservation methods can contribute satisfactorily to the genetic conservation of forest species, however, these techniques will not be able to meet all existing needs. The objective of the work was to establish efficient mechanisms for the identification and management of forest seed collection areas of native species. The work was developed in the Mbaracayú Forest Natural Reserve (Paraguay). The selected trees were botanically classified in order to determine their predominant reproduction mechanisms. For the selection of seed trees, criteria were considered that ensure the reduction of genetic variability, taking into account a minimum distance between seedbeds, based on the characteristics of pollination, seed dispersal and the reproductive maturation stage of the trees. Monitoring was carried out every 30 days to record the phytosanitary and phenological status of the trees to identify the reproductive season and define the moment of seed harvest. Permanent seed collection areas of forest species were established, there are 137 selected seed trees of 22 species, distributed in three collection areas. The number of selected seed trees ranged from 7 to 17 responding to their availability in the explored areas. Tree seeds such as: *Cariniana estrellensis*, *Cedrela fissilis*, *Pterogyne nitens*, *Astronium fraxinifolium*, *Cordia trichotoma*, among others, were harvested. They were processed and characterized in terms of their physical and physiological quality for later storage in a conservation chamber at 5°C. It can be mentioned that efficient mechanisms have been established for the identification and management of forest seed collection areas of native species in an ecoregion of great importance for biodiversity. With the information collected in the monitoring of seed trees, the most opportune harvest time for each species can be established, allowing a forest seed conservation center to be maintained.

Keywords: seed conservation; seed bank; native species.

Acknowledgments: the authors thank the National Council of Science and Technology for the financing for the execution of the works within project 14-INV-015.



DIFERENCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE *Roupala montana* var. *brasiliensis* BASEADA EM MARCADORES MICROSSATÉLITES

Fernanda Bortolanza Pereira¹; Evandro Vagner Tambarussi^{2*}

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/FCA. ²Universidade Estadual do Centro-Oeste (Unicentro). *tambarussi@gmail.com

A espécie *Roupala montana* var. *brasiliensis* ocorre no Brasil desde o Sul do Estado da Bahia até o Rio Grande do Sul, em encostas úmidas e pequenas depressões. Conhecida como Carvalho-brasileiro por sua madeira de excelente qualidade, foi explorada no mercado internacional para substituir *Cardwellia sublimis*, sendo por sua vez substituída por *Panopsis rubescens*, dada a maior disponibilidade desta, um fato que ilustra a exploração predatória que o Carvalho-brasileiro sofreu. Apesar do potencial madeireiro, pouca informação na literatura pode ser recuperada sobre essa espécie. Considerando a exploração comercial, a fragmentação ambiental e a falta de informação, o que se questiona é qual a situação atual das populações do Carvalho-brasileiro. Para responder preliminarmente esta questão, 27 marcadores microssatélites nucleares desenvolvidos espécie-específicos foram utilizados para avaliar a diversidade genética de quatro populações em áreas de Floresta Ombrófila Mista: FLONA-Irati ($N=13$) e “Imbituvão” ($N=8$), localizadas em Fernandes Pinheiro, PR; Colégio Florestal ($N=8$), localizada em Irati, PR; e FLONA-Três Barras ($N=5$), localizada em Três Barras, SC. Com base nos dados moleculares, calculou-se a matriz de distâncias genéticas de Nei (1972), que foi então utilizada para o teste de isolamento por distância, com nível de significância dado pelo teste de Mantel baseado em 1000 aleatorizações dos dados. A menor distância genética ocorreu entre as populações FLONA-Irati e Imbituvão (0,175), enquanto a população mais distante geograficamente (FLONA-Três Barras) não resultou na população mais geneticamente distinta (Colégio Florestal). O teste de Mantel revelou ausência de associação entre a matriz de distância genética de Nei (1972) e a distância geográfica entre populações (p -valor = 0,66). A ausência de associação entre distâncias geográfica e genética permite atribuir as diferenças nas frequências alélicas entre populações à deriva genética, o que é corroborado pelo tamanho pequeno das populações em habitat fragmentado. Contudo, a ausência de um padrão de isolamento por distância entre as populações estudadas pode ser um artefato estatístico devido ao pequeno número de populações, associado às grandes diferenças nos valores de distância entre populações amostradas, o que pode mascarar uma dependência da amplitude dos valores destas e da variância dos estimadores.

Palavras-chave: Carvalho-brasileiro; lacewood brasileiro; marcador SSR.

Agradecimentos: Ao CNPq (Universal 402420/2016-0) pelo financiamento da pesquisa. Este estudo foi em parte financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código 001.



PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE *DIPTERYX ODORATA*: UMA ESPÉCIE POTENCIAL PARA RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS, PERU

Víctor Raúl Cornejo Badillo¹; Lyanna Hellen Sáenz Ramírez^{2*}; Wilson Guerra Arévalo³; Lino Ríos Perez²; Guillermo Gorbitz Dupuy²; Ignacio Lombardi Indacochea¹

¹ Universidad Nacional Agraria la Molina; ² Empresa privada Dipteryx SAC; ³ Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana. *E-mail do autor apresentador: Lyanna.saenz.r@gmail.com

RESUMO

Dipteryx odorata (Aubl.) Willd é uma espécie arbórea pertencente à família Fabaceae, amplamente distribuída em zona tropical de América, considerada um recurso genético que apresenta potencial para recuperação de solos degradados, devido seus caracteres morfológicos. A semente da espécie é recalcitrante e perde viabilidade em curto tempo o que dificulta a propagação sexual, a propagação vegetativa pode-se utilizar o método de estaquia. Porém, um dos principais fatores que afetam o enraizamento é o tipo de substrato e o regulador de crescimento utilizado. Neste contexto, objetivou-se avaliar tipos de substratos com diferentes doses de AIB (ácido 3-indol-butírico) em *D. odorata* no sistema de mini túneis. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na empresa Dipteryx SAC, estado de Ucayali, Peru. O material vegetal utilizado foi a estaquia com 6 cm de comprimento e com uma folha, sendo semeados nos diferentes substratos permanecendo em mini túneis a temperatura 28 ± 2 °C e umidade relativa de 80%. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, em esquema fatorial 3 x 3, com 3 tipos de substratos (areia fina, turfa e perlite) e 3 concentrações de AIB (0 ppm, 3000 ppm y 6000 ppm) com 3 repetições, fazendo um total de 9 tratamentos e 3 repetições. Cada parcela foi constituída de 9 estacas. As avaliações foram realizadas após 54 dias do plantio. As variáveis analisadas foram porcentagem de sobrevivência e porcentagem de enraizamento. A normalidade dos dados foi comprovada pelo teste de Shapiro-Wilk e os dados foram submetidos à análise de variância, as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. As análises estatísticas foram conduzidas no software INFOSTAT. Houve efeito significativo em todas as características avaliadas, indicando que o tipo de substrato e a concentração de AIB influenciam no desenvolvimento das estacas. Verificou-se que a areia fina + 6000 ppm AIB proporcionou 100% de sobrevivência e 51,9% de enraizamento, porém o substrato de turfa + 0 ppm AIB apresentou sobrevivência de 92,6%, e enraizamento de 70%. Além disso, o substrato turfa + 6000 ppm AIB apresentaram resultados semelhantes. Deste modo estacas de *D. odorata* podem ser cultivadas em turfa sem adição de AIB, por apresentar menor custo na produção de mudas.

Palavras-chave: Mini túneis; substratos; enraizamento.

Agradecimentos: Concytec e Fondecyt pela concessão da bolsa.



CONTAMINAÇÃO EM SEMENTES DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO COM PROTEÍNAS TRANSGÊNICAS NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Ana Cláudia de Lima Silva^{1*}; Maitê Edite Sousa Maronhas²; Paola Cortez Bianchini³; Amaury da Silva dos Santos⁴, Antônio Gomes Barbosa⁵, Luciano Silveira Marçal⁶; Victor Maciel do Nascimento Oliveira⁷, Claudio Almeida Ribeiro⁸;

^{1,2}Projeto Agrobiodiversidade do Semiárido; ³Embrapa Semiárido; ⁴Embrapa Tabuleiros Costeiros, ⁵Articulação no Semiárido Brasileiro – ASA; ⁶AS-PTA, ⁷Projeto Sementes Crioulas do SASOP; ⁸Assessor Técnico do P1+2 - ASA; *E-mail do autor apresentador: anaclima.inova@gmail.com

A contaminação de sementes de variedades crioulas por proteínas transgênicas é ameaça constante em todo território brasileiro. O Programa Sementes do Semiárido da ASA - tem papel fundamental no estabelecimento de segurança e conservação de sementes crioulas, tendo como uma das ações o monitoramento da contaminação destas por meio de proteínas transgênicas. O objetivo deste trabalho foi monitorar a contaminação das sementes crioulas, através das tiras imunocromatográficas, por sete proteínas transgênicas, sendo elas: CP4ESPS, Cry1Ab, CRY3BB, Cry1F, Cry2Ab, Vip3A, e LL. As análises foram feitas na safra de 2018/19 em sementes coletadas em nove Estados, sendo eles: Alagoas, Bahia, Ceará, Minas Gerais, Paraíba, Pernambuco, Piauí, Rio Grande do Norte e Sergipe. Foi construído um protocolo para padronização dos testes, obtendo-se 588 amostras de sementes de milho, reconhecidamente crioulos. Todas as proteínas testadas foram encontradas. Sendo Cry1F, a VIP3A, CP4ESPS e a Cry1Ab as mais identificadas, sendo detectadas juntas em 83 das amostra testadas. Detectou-se 29% de amostras contaminadas, sendo que o Rio Grande do Norte foi onde apresentou maior contaminação, com 53% dos materiais testados contaminados, enquanto em Minas Gerais detectou-se apenas 3%. Amostras de sementes contaminadas foram armazenadas para garantir a rastreabilidade do processo e para testes posteriores. Para sementes não contaminadas, foi recomendado o armazenamento de pelo menos 4 kg de sementes e que estas não fossem emprestadas, garantindo assim cópias para multiplicação futura. Este estudo possibilitou parcerias para outros tipos monitoramento das sementes crioulas como realização de testes em qPCR em laboratórios da Embrapa. Campos de multiplicação de sementes livre de contaminação transgênica tem se viabilizado como uma estratégia para proteção e conservação das sementes crioulas do semiárido. Conteúdos como estes, dão visibilidade ao que está acontecendo no semiárido, e que tem impedido o acesso às políticas públicas de comercialização de sementes crioulas e a erosão do patrimônio genético existente neste território.

Palavras-chave: *Zea Mays* L., OGMs, conservação *in situ*

Agradecimentos: Fundação Banco do Brasil que financiou o projeto, organizações da ASA do projeto e todos/as guardiões/as de sementes do Semiárido Brasileiro.



IMPERMEABILIDADE TEGUMENTAR E VARIAÇÃO NO PODER GERMINAÇÃO DE UM ACESSO DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris*)

Larissa Leal da Silva¹; Antonieta Nassif Salomao², Juliano Gomes Padua²,
Marcos Aparecido Gimenes²;

¹Universidade de Brasília.

²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

*E-mail do autor apresentador: Laryssaleal123@gmail.com.

A variação observada entre sementes de acessos de uma mesma espécie durante a conservação em longo prazo, pode ser dada devido a diferentes fatores. Em uma análise anterior realizada por nosso grupo de pesquisa, foi observado que dois acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris*) conservados em longo prazo apresentaram altos poderes de germinação inicial, atual e após quatro períodos de envelhecimento acelerado, sugerindo que esses acessos poderiam ter um nível alto de impermeabilidade tegumentar e que isso poderia estar relacionado com os altos poderes de germinação observados. O objetivo desse estudo foi obter evidências de que a impermeabilidade tegumentar pode ter contribuído para a boa performance dos acessos de feijão em condições de armazenamento em longo prazo. Para tanto, sementes do acesso GF002 multiplicados em casa de vegetação, foram escarificadas, com o objetivo de enfraquecer o tegumento e com isso permitir a embebição da água e submetidas à testes de envelhecimento artificial por 0, 24, 48 e 72 horas à 45°C. Foram determinados o poder de germinação e o índice de velocidade de germinação. Os resultados demonstraram eficiência no envelhecimento artificial, que provocou uma queda na germinação das sementes de feijão. As sementes controle (0h) apresentaram 95% de germinação, enquanto as sementes envelhecidas artificialmente por 24h, 48h e 72h apresentaram 87,5%, 77,5% e 32,%, respectivamente. Já o índice de velocidade de germinação diminuiu de 10,52 em sementes controle (0h), para 9,41, 7,95 e 3,27 em sementes envelhecidas por 24h, 48h e 72h respectivamente. Os resultados sugerem que a impermeabilidade tegumentar pode ser um dos fatores determinantes da boa performance em condições de conservação em longo prazo.

Palavras-chave: conservação em longo prazo, germoplasma semente, envelhecimento artificial.



ONDE AS MUDANÇAS CLIMÁTICAS CASTIGARÃO MAIS? MAPEAMENTO DE POPULAÇÕES DE ANGICO-DE-CAROÇO PRIORITÁRIAS PARA CONSERVAÇÃO

Bárbara França Dantas, Tatiana Ayako Taura, Magna Soelma Beserra de Moura¹

¹Embrapa Semiárido. *barbara.dantas@embrapa.br

Os modelos climáticos regionalizados para a Caatinga, baseados no Painel Intergovernamental de Mudanças Climáticas (IPCC) preveem aumento de temperatura de até 4,8 °C e redução de até 40% no volume de precipitação até o ano de 2100. Acompanhado do alto índice de evaporação, essas alterações acarretarão em maior estresse térmico, hídrico e salino nas plantas desse Bioma. As sementes e mudas de muitas espécies da Caatinga são tolerantes a estresses abióticos, no entanto, poucos trabalhos descrevem seus limites de tolerância e respostas germinativas a diferentes cenários climáticos. Tampouco há muitos trabalhos mapeando áreas prioritárias para coleta, caracterização e conservação de diferentes populações de espécies nativas da Caatinga. O objetivo deste trabalho foi mapear áreas prioritárias para conservação de populações de angico-de-carço, *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* [(Griseb.) Altschul] (Fabaceae). Foram obtidos limites de tolerância de sementes e mudas de *A. colubrina* aos estresses térmico, hídrico e salino representados pela temperatura teto (48 °C) e potencial hídrico base (-0,73 MPa, que equivale a 13,9% de umidade em solos da região onde as sementes foram colhidas). Determinou-se, então, a quantidade mínima de chuva necessária (17,5 mm) em uma semana, para as sementes germinarem e as plântulas se desenvolverem na Caatinga. A partir destes resultados, foram mapeadas áreas de Caatinga que não apresentarão as condições climáticas mínimas para a germinação, desenvolvimento inicial, recrutamento e formação de bancos de plântulas. Foi verificado que o aquecimento de até quase 5 °C previsto para 2100, a germinação das sementes e o desenvolvimento inicial de plântulas não afetará a sobrevivência da espécie na Caatinga. No entanto, a diminuição de até 40% do volume histórico de chuvas na região em 2100, resultará em áreas com baixa possibilidade de germinação e desenvolvimento inicial de plantas jovens de angico. Dezenas de populações de *A. colubrina* foram mapeadas nos estados de Paraíba, Pernambuco, Sergipe Alagoas e Bahia. Assim, apesar da alta tolerância destas sementes às condições ambientais extremas, serão necessários estudos e estratégias eficientes que garantam a conservação destas populações em cenários futuros de mudanças climáticas.

Palavras-chave: sementes; estresses ambientais; semiárido.

Agradecimentos: Embrapa Semiárido; CNPq.



SOBREVIVÊNCIA DE PROPÁGULOS DE XAXIM (*DICKSONIA SELLOWIANA* HOOK.) DE DISTINTOS TAMANHOS E EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE SOMBREAMENTO

Giulia Fabrin Scussel¹; Igor de Carvalho Aguiar Rodrigues¹; Saimom Poczapski Noro Ribeiro¹; Miguel Busarello Lauterjung¹; Alison Paulo Bernardi¹; Tiago Montagna¹; Maurício Sedrez dos Reis¹

¹Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais – NPFT; Centro de Ciências Agrárias – CCA; Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC. *giuliascussel@gmail.com

Dicksonia sellowiana (Presl.) Hook., ou xaxim, como é popularmente conhecida, é uma espécie da família Dicksoniaceae. Esta samambaia arborescente é endêmica da Mata Atlântica, ocorrendo na Floresta Ombrófila Mista e na Floresta Estacional Decidual. Devido à exploração predatória, especialmente para confecção de vasos para jardinagem a partir do seu cáudice, a espécie foi incluída em listas de espécies ameaçadas de extinção. Diante disso, informações sobre as diferentes formas de propagação do xaxim são importantes pois viabilizam estratégias de uso e conservação da espécie, inclusive no contexto de salvamento de indivíduos em áreas alvo de supressão. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a sobrevivência de propágulos de *D. sellowiana* sob diferentes condições de sombreamento e diferentes tamanhos de ponteiros (porção de cáudice composta pela parte apical). Para tanto, foram implantados dois experimentos em blocos completos casualizados, um sob o dossel de uma floresta secundária e outro a pleno sol. Nos dois experimentos foram testados três tipos de ponteiros: inteiras, $\frac{1}{2}$ da ponteira e $\frac{1}{4}$ da ponteira. As ponteiros tinham 50 cm de comprimento e nos tratamentos de $\frac{1}{2}$ e $\frac{1}{4}$ de ponteira foram fracionadas na longitudinal. A avaliação de sobrevivência foi realizada seis anos após a implantação do experimento. Os experimentos foram analisados em conjunto, por meio de análise de variância ($\alpha=0,05$) seguida do teste de Tukey ($\alpha=0,05$). Os fatores tipo de ponteira e sombreamento foram significativos, mas a interação entre fatores não. Dentro do fator ponteiros houve diferença significativa entre todos os tratamentos, sendo que ponteiros inteiras produziram a maior média de sobrevivência (96,3%), seguidas por $\frac{1}{2}$ ponteira (46,3%) e $\frac{1}{4}$ de ponteira (7,5%). A comparação entre as condições de sombreamento mostrou que propágulos plantados à sombra apresentam maior valor médio de sobrevivência (59,2%), estatisticamente diferente, em relação a propágulos a pleno sol (40,8%). O experimento apresentou coeficiente de variação de 17,27%. Sua implicação prática é a demonstração da eficiência da utilização de ponteiros para propagação do xaxim, gerando uma técnica para o salvamento e uso sustentável da espécie, contribuindo diretamente para a conservação de *D. sellowiana*.

Palavras-chave: Samambaia; Propagação; Mata Atlântica.

Agradecimentos: CNPq (A. P. B.; M. S. R.), CAPES (M. B. L.) e FAPESC (G. F. S.; I. C. A. R.; S. P. N. R.).



Unidades encapsuláveis de mandioca (Vassourinha)

Guilherme Garcia Goveia¹; Marisa Taniguchi²;
Camila Müller Dallmann³; Leonardo Ferreira Dutra^{4*}

¹Universidade Federal de Pelotas; ²Universidade Federal de Pelotas;
³Universidade Federal de Pelotas; ⁴ Embrapa Clima Temperado
*leonardo.dutra@embrapa.br

A mandioca exerce papel fundamental na segurança alimentar de países em desenvolvimento, estando presente em mais de 100 países. Esta raiz possui grande potencial produtivo devido às suas características de tolerância a déficits hídricos, a diversos patógenos. A cultivar crioula 'Vassourinha' possui características de interesse para o melhoramento da mandioca e a obtenção de unidades encapsuláveis propicia a proteção de propágulos, a facilidade de armazenamento, conservação e intercâmbio de germoplasma. Objetivou-se testar o meio de regeneração na obtenção de unidades encapsuláveis de mandioca 'Vassourinha'. Gemas laterais foram excisadas de plantas de mandioca cultivadas in vitro, adicionadas à matriz de alginato de sódio 4% (w/v), dissolvida em meio MS. As gemas foram resgatadas individualmente e gotejadas em solução de cloreto de cálcio (100 mM) por 20 minutos para complexação. Posteriormente, foram imersas em água destilada e autoclavada para retirada do excesso de cloreto de cálcio e descomplexadas em solução de nitrato de potássio (100 mM) por 15 minutos. As unidades encapsuláveis foram então inoculadas em meio de cultivo de acordo com o tratamento: T1 - MS 42 + 0,02 ANA; T2 - MS 42 + 0,2 BAP + 0,02 ANA; T3 - MS 20 + 0,05 BAP + 0,1 ANA + 0,2 GA₃; T4 - MS 20 + 0,02 BAP + 0,01 ANA + 0,1 GA₃. Todos os tratamentos foram acrescidos de sacarose (20,0 g L⁻¹) e inositol (0,1 g L⁻¹). Posteriormente, o material foi mantido sob fotoperíodo de 16 horas de luz, irradiância de 36 $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ e temperatura de 25 $\pm$ 2 °C, durante 30 dias. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, com 3 repetições, compostas por uma placa, contendo 10 unidades encapsuláveis cada uma. Observou-se maior porcentagem de emergência das cápsulas (33%) no meio de cultivo T4, seguidos pelos tratamentos T3 (26%), T2 (20%) e T1 (20). Além dos danos que podem ser causados pelo manuseio do material, acredita-se que para explantes de 'Vassourinha' sejam necessárias novas adaptações de meios de regeneração das cápsulas, além de observar a possibilidade alterar a composição da cápsula para induzir ao melhor desenvolvimento dos explantes.

Palavras-chave: Mandioca Crioula, sementes sintéticas, cultura de tecidos.

Agradecimentos: CAPES e CNPq.



EFEITO DE SUBSTRATOS NA PRODUÇÃO DE MUDAS DE *Melocactus ernestii* VAUPEL SUBESP. *ernestii* EM VASO

Diva Correia^{1*}; Julianna Costa Bernardo²; André Ulisses Campelo Neto²; Mateus de Castro Matos²

¹Embrapa Agroindústria Tropical; ²Universidade Federal do Ceará
*diva.correia@embrapa.br

Dentre as cactáceas de formato globoso, destaca-se o *Melocactus ernestii* Vaupel subesp. *ernestii* conhecida como coroa-de-frade. É uma planta endêmica do Brasil com registros de ocorrências nos Estados de Alagoas, Bahia, Ceará, Paraíba, Pernambuco, Sergipe e nordeste de Minas Gerais. Essa espécie é utilizada como ornamental e na medicina popular. Em consequência, sofrem com o extrativismo que resulta na diminuição das populações naturais. Conhecimento sobre a conservação e propagação são limitados. Informações de produção e cultivo podem favorecer tanto à conservação da espécie quanto à oferta de mudas aos viveiristas. O cultivo de *Melocactus* em vasos requer substratos apropriados à espécie. O trabalho teve como objetivo avaliar o efeito de substratos na produção de mudas de *M. ernestii* subesp. *ernestii* em vasos. O estudo foi conduzido no viveiro da Embrapa Agroindústria Tropical em Fortaleza, CE. Foram utilizadas plantas com cladódios em torno de 7 cm de altura e 5 cm de diâmetro, obtidas da germinação de sementes coletadas de plantas mantidas no BAG-Cactáceas da Embrapa. O experimento foi instalado em delineamento inteiramente casualizado com dois tratamentos, três repetições e nove plantas por repetição. Os tratamentos corresponderam aos substratos: S₁ – Hortaliças Turfa Fértil® e S₂ – Composto por Hortaliças Turfa Fértil®, areia grossa, vermicomposto, vermiculita fina e pó da casca de coco verde lavado, na proporção volumétrica (4:2:2:1:1). Os substratos foram submetidos às análises químicas e físicas. Foram utilizados vasos plásticos (588,8 cm³) como recipientes para as mudas. Aplicou-se, mensalmente, adubação com N, P, K, após 30 dias de cultivo. Aos 270 dias de cultivo foram avaliados: altura (cm), diâmetro (cm), diâmetro do coleto (mm), peso das massas fresca e seca do cladódio (g) e pesos das massas fresca e seca das raízes (g). Os dados obtidos foram comparados pelo teste *t* de Student. Todavia, não foram observadas diferenças estatísticas entre as médias para todas as variáveis avaliadas. Provavelmente, as características químicas e físicas encontradas em S₁ e S₂ juntamente com a suplementação de N, P e K ao longo do cultivo tenham favorecido o crescimento e desenvolvimento das plantas. Conclui-se que ambos os substratos podem ser utilizados para a produção de *M. ernestii* subesp. *ernestii* em vaso e a escolha pode ser em função do menor custo e/ou disponibilidade dos componentes.

Palavras-chaves: cacto; coroa-de-frade; condicionadores orgânicos e inorgânicos.

Agradecimentos: Ministério de Ciência e Tecnologia (MCT), Sebrae, Finep e Embrapa pelo financiamento.



BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CAJUEIRO: O DESAFIO NA REESTRUTURAÇÃO DO ACERVO

Ana Cecília Ribeiro de Castro¹; Aline Teixeira¹; Helisia Pessoa Linhares²; João Ravelly²; Matheus Menezes³; Luciana Benigno³.

¹Embrapa Agroindústria Tropical, ²Universidade Federal do Ceará ³ Instituto Federal do Ceará. *cecilia.castro@embrapa.br

Os esforços de conservação do cajueiro, na Embrapa, estão concentrados principalmente em atividades sistêmicas (coleta, manutenção, caracterização e avaliação, documentação e intercâmbio) desenvolvidas no Banco de Germoplasma do Cajueiro (Bag-Caju). Entre os principais entraves encontrados do Bag Caju destacam-se: árvores antigas e improdutivas; baixa eficiência na caracterização devido ao grande número de plantas e localização fragmentada no campo experimental; ausência de duplicata de segurança do acervo; e falta de normas e procedimentos estabelecidos nas atividades. Para melhoria na gestão do Bag-Caju foram levantados requisitos de qualidade, no âmbito de um projeto (QUALIVEG) para implantação e monitoramento. O objetivo deste trabalho foi avaliar a implantação de requisitos de gestão da qualidade no BAG Caju. Foram estabelecidos 38 requisitos, subdivididos em: documentos (4), registros (2), pessoal (10), campos experimentais, instalações e condições ambientais (15), equipamentos e rastreabilidade de medição (5), e acessos, amostras e insumos (6). A partir do monitoramento, observou-se um aumento no nível de atendimento aos requisitos, de acordo com o acompanhamento mais recente, esse aumento é de cerca de 80%. Dentre as melhorias identificadas com essa implantação na gestão do BAG Caju, pode-se citar a otimização e padronização dos processos, manutenção do registro histórico do banco, garantia da segurança dos acessos devido sua identificação unívoca e introdução em vasos de cópias de segurança dos acessos mantidos em campo (backup), rejuvenescimento e replantio do pomar em área contínua. Conclui-se que, a implementação de requisitos de gestão da qualidade, contribuiu para eliminar o retrabalho de atividades, possibilitar a caracterização do acervo integralmente, rastreamento das informações associadas aos acessos, repetibilidade das atividades do banco e confiabilidade dos trabalhos realizados no BAG Caju, independente de fatores como a mudança na equipe técnica e operacional. Ter disponível um repositório de genes amplo, estratégico para enfrentar as condições adversas e as demandas atuais e futuras, fundamentais para a ampliação e sustentabilidade da cadeia produtiva do cajueiro e para as gerações futuras em termos de valor econômico, ecológico, social ou científico.

Palavras-chave: Requisitos da Qualidade; Recursos Genéticos; BAG Caju.



ACLIMATIZAÇÃO DE PLANTAS DE *Melocactus curvispinus* PFEIFF EM SUBSTRATOS COMERCIAIS

Diva Correia^{1*}; Julianna Costa Bernardo²

¹Embrapa Agroindústria Tropical; ²Universidade Federal do Ceará
*diva.correia@embrapa.br

A coroa-de-frade (*Melocactus curvispinus* Pfeiff) é uma cactácea com valor ornamental, endêmica da Colômbia, Costa Rica, Guatemala, Honduras, México, Panamá e Venezuela. De acordo com a International Union for Conservation (IUCN), as populações dessa espécie encontram-se estáveis e a espécie na categoria LC (fora de perigo de extinção). A reprodução ocorre basicamente por sementes e só há formação de brotos após danos físicos no cladódio. Desse modo, a micropropagação tem sido uma alternativa de propagação vegetativa do gênero *Melocactus*. As plantas micropropagadas necessitam de aclimatização em viveiro. O sucesso dessa etapa depende do uso de substratos adequados que garantam a sobrevivência e o crescimento e desenvolvimento das plantas. O objetivo do trabalho foi avaliar a aclimatização de plantas de *M. curvispinus* em substratos comerciais. O estudo foi desenvolvido no viveiro da Embrapa Agroindústria Tropical, em Fortaleza, CE. Foram utilizadas plantas de coroa-de-frade cultivadas *in vitro* durante 12 meses que apresentavam valores médios de altura (3,53 cm) e diâmetro (1,67 cm) do cladódio e comprimento da raiz de 3,23 cm. Bandejas com células de 40 cm³ foram utilizadas como recipientes. Os tratamentos corresponderam aos seguintes substratos comerciais: T₁ = TN Mix Carolina Souil®, T₂ = Hortaliças Turfa Fértil® e T₃ = Misto Tecnomax®. O experimento foi instalado em delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos, quatro repetições e 14 plantas por repetição. Aos 150 dias de cultivo, foram avaliadas a sobrevivência, a parte aérea (cladódio) quanto à altura, diâmetro e tamanho do coleto e o comprimento de raízes. Os efeitos dos tratamentos nas variáveis foram avaliados mediante análise de variância seguido de teste de Tukey, ambos a 1% de significância. Em todos os tratamentos houve 100% de sobrevivência. As maiores médias foram observadas no substrato (T₁) exceto para comprimento das raízes em que o substrato (T₃) apresentou média superior. As médias das variáveis diâmetro do cladódio e diâmetro do coleto do cladódio obtidas no substrato (T₁) diferenciaram estatisticamente das médias alcançadas nos demais tratamentos. Enquanto, para a altura do cladódio, as médias obtidas nos substratos (T₁) e (T₂) não diferenciaram entre si. Conclui-se que os substratos testados apresentam características físicas e químicas favoráveis à sobrevivência e ao crescimento e desenvolvimento de plantas micropropagadas de *M. curvispinus* e a escolha do substrato para a aclimatização das plantas pode ser feita em função do seu custo e da disponibilidade no mercado local.

Palavras-chave: cactacea; coroa-de-frade; micropropagação

Agradecimentos: Ministério de Ciência e Tecnologia (MCT), Sebrae, Finep e Embrapa pelo financiamento.



IDENTIFICAÇÃO DOS IMPACTOS AMBIENTAIS NO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CAJUEIRO

Helísia Pessoa Linhares¹; Ana Cecília Ribeiro de Castro²; Luciana Benigno³;

¹Universidade Federal do Ceará. ²Embrapa Agroindústria Tropical. ³Instituto federal do Ceará. *helisiahpl@gmail.com

A cajucultura é de elevada importância socioeconômica e cultural para o homem do Nordeste brasileiro. A diversidade genética do cajueiro tem contribuído para o agronegócio, entretanto as ações antrópicas nos ambientes de ocorrência natural têm gerado recorrente perda da variabilidade genética da espécie. Nesse contexto, o Banco Ativo de Germoplasma de Cajueiro (BAG Caju) visa tanto conservar os recursos genéticos quanto solucionar os pontos de melhoria encontrados no modelo tradicional de conservação desse acervo, como a perda de informações e retrabalho advindos da troca de equipe técnica, curador responsável e metodologias utilizadas. O objetivo desse trabalho foi realizar o levantamento e a classificação dos impactos ambientais do BAG Caju. Primeiramente foi realizado o levantamento dos processos a partir de observações feitas em visitas de campo, entrevistas com a curadora do banco, mapeamento e descrição a partir dos Procedimentos Operacionais Padrão (POPs). Em seguida, foi utilizada uma modificação da matriz de MOTA; AQUINO (2002) para a identificação, descrição e avaliação dos impactos ambientais. Os processos do BAG Caju foram subdivididos em ações das quais, com auxílio da curadora, foram identificados os seus impactos no meio físico, biótico e antrópico além de serem utilizados os atributos tipo, importância, magnitude, duração. Como resultado do mapeamento dos macroprocessos, foram gerados 7 fluxogramas e seus respectivos detalhamentos. Ao todo foram identificados 73 impactos ambientais resultantes das atividades, sendo 31 impactos considerados positivos; 42 impactos considerados negativos e 0 impactos considerados como indefinidos. Dentre os impactos positivos, 17 foram de magnitude média, enquanto que 25 dos impactos classificados como negativos foram considerados com intensidade pequena. Quanto aos impactos positivos, o meio com maior número de impactos identificados foi o biótico (21) e com o menor o meio antrópico (4). Já em relação aos impactos negativos, o meio com maior número de impactos é o Físico (16) e com menor o meio antrópico (12). Dado o caráter inovador do resultado em questão, não há parâmetros para comparação com outras avaliações de impacto ambiental. Com o levantamento dos impactos ambientais, foi possível observar que, apesar de estarem em maior número (58%), os impactos negativos são, em maioria, não significativos, de curto prazo e magnitude pequena. Apesar de matrizes de impacto ambiental como a de Mota e Aquino (2002) normalmente serem aplicadas na elaboração de estudos voltados a implantação e/ou ampliação de empreendimentos, ela mostrou-se promissora para aplicação em pesquisas em bancos e coleções voltados para a conservação dos recursos genéticos.

Palavras-chave: Caju; Recursos Genéticos; Matriz de impactos ambientais.

Agradecimentos: Universidade Federal do Ceará e Embrapa Agroindústria Tropical.



EFEITO DO SUBSTRATO NA PRODUÇÃO DE MUDAS DE *Melocactus oreas* MIQ SUBSP. *oreas* EM VASO

Julianna Costa Bernardo^{1*}; Diva Correia²; Mateus de Castro Matos¹; André Ulisses Campelo Neto¹

¹Universidade Federal do Ceará; ²Embrapa Agroindústria Tropical.
*juliannacastelo17@hotmail.com

Melocactus oreas subsp. *oreas*, é uma cactácea conhecida popularmente como coroa-de-frade, endêmica da Caatinga nos Estados da Bahia e do Ceará. Essa planta possui formato globoso, raramente alongado e o cladódio pode alcançar até 20 cm de altura e 18 cm de diâmetro, contendo de 15 a 19 costelas e, quando adultos, apresentam cefálio. Devido ao seu valor de uso no paisagismo, como alimento e na medicinal popular, as coroas-de-frade sofrem com o extrativismo por serem retiradas inteiras de seu habitat, o que gera o decréscimo das populações. Informações de produção e cultivo podem favorecer a conservação da espécie e o aumento de mudas de qualidade para a comercialização em viveiros credenciados. O cultivo em vasos requer substratos adequados à espécie que favorecem o manejo, homogeneidade na produção, melhor logística de venda do produto final. O estudo teve como objetivo avaliar o efeito de substratos na produção de mudas de *M. oreas* subsp. *oreas* em vasos. O experimento foi conduzido no viveiro da Embrapa Agroindústria Tropical em Fortaleza, CE e em telado com redução de 50% de intensidade luminosa. Foram utilizadas plantas de *M. oreas* subsp. *oreas* com aproximadamente 5 cm de altura, obtidas da germinação de sementes coletadas de plantas mantidas no BAG-Cactáceas da Embrapa. O experimento foi instalado em delineamento inteiramente casualizado, com dois tratamentos, seis repetições e cinco plantas por repetição. Os tratamentos corresponderam aos substratos: S₁ – Hortalças Turfa Fértil® e o S₂ – Composto por Hortalças Turfa Fértil®, areia grossa, vermicomposto, vermiculita fina e pó da casca de coco verde lavado na proporção volumétrica 4:2:2:1:1. Os substratos foram submetidos às análises químicas e físicas. Foram utilizados vasos plásticos com capacidade de 588,8 cm³. Aos 300 dias de cultivo, foram avaliados: altura, diâmetro, peso das massas fresca e seca do cladódio e pesos das massas frescas e secas das raízes. Aos dados obtidos, aplicou-se o teste *t* de Student a 1% de significância. Os resultados indicaram que o crescimento das plantas foi influenciado pelos substratos testados. Plantas cultivadas no S₁ apresentaram valores médios superiores para todas as variáveis analisadas, exceto para altura do cladódio. Provavelmente, as características químicas e físicas encontradas no S₁ sejam mais adequadas ao crescimento e desenvolvimento de plantas de *M. oreas* subsp. *oreas*, tornando-o mais indicado ao cultivo em vaso do que em S₂.

Palavras-chaves: cacto; coroa-de-frade; propagação

Agradecimentos: Ministério de Ciência e Tecnologia (MCT), Sebrae, Finep e Embrapa pelo financiamento.



ACLIAMATIZAÇÃO DE PLANTAS DE *Echinocactus grusonii* EM SUBSTRATOS COMERCIAIS

Julianna Costa Bernardo^{1*}; Diva Correia²

¹Universidade Federal do Ceará; ²Embrapa Agroindústria Tropical.
*juliannacastelo17@hotmail.com

Echinocactus grusonii, conhecido como ‘cactus cadeira-de-sogra’, é uma espécie endêmica da região central do México com ocorrência em locais semidesérticos. Essa espécie encontra-se ameaçada de extinção (EN) e as populações estão decrescendo. Caracteriza-se pelo cladódio com formato globular, eventualmente cilíndrico, de coloração verde-clara e cefálio amarelado. Apresenta potencial ornamental e os frutos são utilizados na alimentação humana. A reprodução dessa planta ocorre exclusivamente por sementes, como na maioria dos cactus globulares. Assim, a micropropagação torna-se uma ferramenta importante na produção de mudas e na conservação da espécie. O objetivo do trabalho foi avaliar a aclimatização de plantas micropropagadas de *E. grusonii* em substratos comerciais. O estudo foi desenvolvido no viveiro da Embrapa Agroindústria Tropical, em Fortaleza, CE. Foram utilizadas plantas micropropagadas com valores médios de altura (4,5 cm) e diâmetro (1,4 cm) do cladódio. Bandejas com células de 75 cm³ cada foram utilizadas como recipientes. Os tratamentos corresponderam aos seguintes substratos comerciais: T₁ = Hortaliças Turfa Fértil®, T₂ = Misto Tecnomax® e T₃ = TN mix Carolina Souil®. O experimento foi instalado em delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos, quatro repetições e cinco plantas por repetição. Aos 240 dias de cultivo, foram avaliadas a sobrevivência, a parte aérea (cladódio) quanto à altura, diâmetro, diâmetro do coleto, peso das massas fresca e seca, e as raízes quanto ao comprimento, pesos das massas fresca e seca. Os efeitos dos tratamentos nas variáveis estudadas foram avaliados mediante análise de variância (anova) e as médias comparadas pelo teste de Tukey, ambos a 1% de significância. Todos os tratamentos apresentaram 100% de sobrevivência. O resultado da anova indicou que existe semelhança entre os tratamentos apenas para a variável diâmetro do coleto. As maiores médias para todas as variáveis foram alcançadas nos tratamentos T₁ e T₂ as quais não diferenciaram estatisticamente entre si, exceto para a altura e a massa fresca do cladódio. Portanto, conclui-se que os substratos comerciais Hortaliças Turfa Fértil® e Misto TECNOMAX® podem ser utilizados na aclimatização de plantas micropropagadas de *E. grusonii*.

Palavras-chave: cactácea; cactus cadeira-de-sogra; micropropagação

Agradecimentos: Ministério de Ciência e Tecnologia (MCT), Sebrae, Finep e Embrapa pelo financiamento.



***Myracrodruon urundeuva* Allemão: REPRESENTATIVIDADE GENÉTICA EM DIFERENTES ARRANJOS DE ESPÉCIES ARBÓREAS EM MODELO DE REFLORESTAMENTO CILIAR**

Thiago Massao Oda^{1*}; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹; José Cambuim¹;
Alexandre Marques da Silva¹; Alonso Angelo da Silva¹

¹UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho” - Faculdade de Engenharia - Câmpus de Ilha Solteira. *E-mail do autor apresentador: thiago_oda@hotmail.com

Nos meses de fevereiro e março de 1986 foi realizado o reflorestamento ciliar às margens do Rio Paraná, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (FEIS/UNESP), localizada no município de Selvíria (MS). Dentre as espécies utilizadas no reflorestamento ciliar, destaca-se a Aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Allemão) que é reconhecida comercialmente pela madeira de ótima qualidade e por suas propriedades farmacológicas, razões da diminuição das populações e consequentemente da perda de material genético. Apesar da espécie não estar classificada como ameaçada, CNCFlora (2012), a espécie foi considerada no “Relatório Brasileiro de Recursos Genéticos Florestais” FAO em 2012, como uma espécie arbórea priorizada para conservação genética e iniciativas de pesquisa no Brasil, devido ao seu valor econômico. O que justifica a necessidade de estudos e propostas que garantam a sobrevivência e a variabilidade genética para caracteres de importância silvicultural. O presente trabalho teve como objetivo analisar a sobrevivência e o diâmetro a altura do peito (DAP) das amostras para verificar a representatividade genética da população em um *Bulk* de sementes de *M. urundeuva*. Na implantação do reflorestamento ciliar foi realizado o plantio de 14 espécies em 13 módulos (amostras de um *bulk*). As sementes de *M. urundeuva* foram coletadas em 13 árvores de polinização livre. Em seguida foram misturadas, de forma aleatória, durante o beneficiamento, formando um *Bulk*. Desse *bulk* foram retiradas 13 amostras para representar a população amostrada. De cada amostra foram utilizadas 11 mudas de *M. urundeuva*, plantadas em 11 arranjos (combinações diferentes da aroeira com outras espécies) dentro dos 13 módulos. Verificou-se que a média geral para a sobrevivência foi de 46,2% e para o DAP de 16,8 cm. Houve significância (2,36*) em relação à sobrevivência entre os módulos (amostras) e para os arranjos dentro dos módulos (3,09**) para o DAP. Porém não houve significância em relação à sobrevivência da aroeira nos diferentes arranjos (1,91^{ns}) e o DAP entre os módulos (1,02^{ns}). Dessa forma, pode-se inferir que sementes amostradas em *bulks* para espécies arbóreas nativas, pode não ter a mesma representatividade genética em amostras de tamanho pequeno.

Palavras-chave: Amostragem; Populações; Genética.

Agradecimentos: Agradeço a empresa Pontal Flora pelo apoio.



ANÁLISE DO TEOR DE ANTOCIANINAS EM POPULAÇÕES LOCAIS DE MILHO UTILIZADAS NA MERENDA ESCOLAR

Grace Karina Kleber Romani^{1*}; Monalisa Cristina De Cól¹; Yasmin Pincegher Siega¹; Talita Durante Bosetti¹; Volmir Kist¹.

¹Instituto Federal Ciência e Tecnologia Catarinense - Campus Concórdia.

*grace.kromani@gmail.com

O milho (*Zea mays* L.) é uma cultura agrícola amplamente utilizada na alimentação humana, faz parte da dieta alimentar de pessoas com baixo poder aquisitivo. Nos grãos desta cultura são acumulados compostos bioquímicos como as antocianinas, as quais possuem diversas propriedades benéficas a saúde humana, tais como: potencial antioxidante, antialérgico, anti-inflamatório, antiviral, antiproliferativo, antimutagênico, antimicrobiano, anticancerígeno, estimulação do sistema imunológico, melhoria da microcirculação, prevenção de diabetes, melhoria da visão, entres outras. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar o teor de antocianinas em farinhas de populações locais de milho destinadas a merenda escolar. Foram conduzidos ensaios em três municípios do oeste de Santa Catarina, com 12 variedades locais de milho em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por quatro sulcos de 5 m de comprimento, com espaçamento de 80 cm entre sulcos. A densidade populacional foi de 50.000 plantas por hectare. Foram analisadas as variáveis antocianinas (ANT), produtividade de grãos (PRO) e produtividade de antocianinas (PANT). A variável ANT foi determinada a partir de 1g de farinha. A variável PRO foi obtida a partir da colheita de todas as espigas da parcela útil. Já a variável PANT foi obtida por meio do ANT e PRO. Os dados de todas as foram submetidos à ANOVA individual e conjunta, mediante constatação de diferenças significativas entre os tratamentos ($p < 0,05$), as médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott, a 5% de probabilidade do erro. Considerando o desempenho das populações nos três ambientes, verificou-se que as variedades Roxo, Pinhaozinho, Maia, Pixurum 05, Amarelão, Rajado/Rosa e Lindóia apresentaram as maiores médias ($\sim 431 \mu\text{g g}^{-1}$) para ANT, as variedades Maia, Pixurum 05, MPA 1 e Amarelão ($\sim 7.104 \text{ kg ha}^{-1}$) foram superiores para PRO, e Maia, Pixurum 05 e Amarelão ($\sim 2.430 \text{ g ha}^{-1}$) apresentaram as maiores médias para PANT. Conclui-se que há certa variabilidade genética entre as populações de milho quanto ao teor de antocianinas, contudo, o potencial produtivo (PRO) teve grande contribuição para distinguir as populações de milho em relação a produtividade de antocianinas. Variedades locais de milho conservadas e cultivadas pela agricultura familiar podem ser utilizadas na merenda escolar dado ao seu elevado teor de antocianinas.

Palavras-chave: *Zea mays*; Metabolismo secundário; Agricultura Familiar.

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão de bolsa de estudo.



TEOR DE CAROTENOIDES EM POPULAÇÕES DE MILHO LOCAL UTILIZADAS NA ALIMENTAÇÃO HUMANA

Grace Karina Kleber Romani^{1*}; Monalisa Cristina De Cól¹; Yasmin Pincegher Siega¹; Talita Durante Bosetti¹; Volmir Kist¹.

¹Instituto Federal Ciência e Tecnologia Catarinense- Campus Concórdia.

*grace.kromani@gmail.com

O milho (*Zea mays* L.) é uma cultura agrícola muito explorada em todo o mundo e faz parte da dieta alimentar de muitas pessoas, principalmente daquelas mais carentes, por ser um alimento de fácil acesso, baixo custo e nutritivo. Nos grãos dessa cultura são acumulados compostos bioquímicos com propriedades nutraceuticas, as quais são muito benéficas a saúde humana. Assim, o objetivo desse trabalho foi analisar o teor de carotenoides em grãos de populações locais de milho manejadas por agricultores familiares visando a alimentação humana. Foram conduzidos ensaios em três municípios do oeste de Santa Catarina, com 12 variedades locais de milho, em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por quatro sulcos de 5 m de comprimento, com espaçamento de 80 cm entre sulcos. A densidade populacional foi de 50.000 plantas por hectare. Foram analisadas as variáveis carotenoides (CAR), produtividade de grãos (PRO) e produtividade de carotenoides (PCAR). Após a colheita dos ensaios, amostras de grãos da parcela útil foram trituradas, peneiradas, maceradas e, em seguida, submetidas aos procedimentos experimentais. A variável CAR foi determinada a partir de amostras de 1g de farinha e 10 ml de solvente metanol/ácido clorídrico. A solução foi centrifugada e 3 ml do sobrenadante foram submetidos a leitura em espectrofotômetro UV. A variável PRO foi obtida a partir da colheita de todas as espigas da parcela útil e, PCAR foi obtida por meio das variáveis CAR e PRO. Os dados de todas as variáveis foram submetidos à ANOVA individual e conjunta, mediante constatação de diferenças significativas entre os tratamentos ($p < 0,05$), as médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott, com 5% de probabilidade do erro. Considerando o desempenho das populações nos três ambientes, a variedade Lindóia se destacou em relação ao CAR ($\sim 328 \mu\text{g g}^{-1}$), Maia, Pixurum 05, MPA 1 e Amarelão se destacaram em relação a PRO ($\sim 7.104 \text{ kg ha}^{-1}$), e Colorado (testemunha), Maia e Lindóia ($\sim 1.419 \text{ g ha}^{-1}$) na variável PCAR. Conclui-se que há variabilidade genética entre as populações avaliadas para o teor de carotenóides. Além do elevado teor de carotenóides, a variedade Lindóia apresentou a maior produtividade de carotenóides.

Palavras-chave: *Zea mays*; Metabolismo secundário; Saúde alimentar.

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão de bolsa de estudo.



CONSERVAÇÃO DE SEMENTES DE FEIJÃO-FAVA

Andreza Cavalcante Oliveira¹; Ediel Antunes Barbosa Rodrigues¹; Luzineide Fernandes de Carvalho¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹; Verônica Brito da Silva¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes^{1*}

¹Universidade Federal do Piauí. *rfgomes@ufpi.edu.br

O feijão-fava é cultivado principalmente por agricultores familiares, que utilizam os grãos colhidos como sementes no novo plantio. Por isso, necessário se faz orientá-los sobre as condições mais adequadas para conservação da qualidade fisiológica e poder germinativo das sementes. A compreensão de como ocorre a perda do poder germinativo das sementes é fundamental para a escolha do método mais eficaz de armazenamento, visando mantê-las viáveis e com um alto vigor por um longo período. Assim, objetivou-se comparar a eficiência de métodos na conservação de sementes de variedades crioulas de feijão-fava. O trabalho foi realizado no Laboratório de Análise de Sementes do Colégio Técnico de Teresina e na área experimental do Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí. Os tratamentos foram delineados em um esquema fatorial, sendo sete variedades crioulas de feijão-fava (Fígado de Galinha, Fava Branca, Fava Amarela, Raio do Sol, Branquinha I, Branquinha II, Mulatinha), três ambientes de armazenamento (câmara fria, geladeira e ambiente natural) e três períodos de estocagem (0, 1, 2). No laboratório, o delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, e, em campo, blocos casualizados, com quatro repetições. Avaliou-se os seguintes caracteres: percentagens de germinação, primeira contagem de germinação, emergência de plântulas em campo e de umidade; índice de velocidade de emergência, altura de plântula e massas fresca e seca de plântulas. Com base nos resultados obtidos, reafirmou-se indícios da presença de dormência nas sementes das variedades crioulas de feijão-fava. O primeiro componente principal explicou praticamente toda a variação entre as variedades crioulas, com os caracteres percentagem de umidade das sementes e peso de massa fresca de plântulas apresentando maior contribuição para variabilidade genética. A variedade crioula que apresentou melhor desempenho foi a Fígado de Galinha, armazenada em ambiente natural. As sementes armazenadas no ambiente natural e na geladeira apresentam maior viabilidade e vigor em relação à câmara fria, permanecendo viáveis ao longo de dois anos de armazenamento. Recomenda-se aos agricultores o armazenamento das sementes em ambiente natural por até um ano e, além desse período, em geladeira, para maior conservação do vigor e viabilidade.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; Qualidade fisiológica; Armazenamento.

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES e UFPI



Recursos Genéticos Vegetais

5 – Documentação



PLATAFORMA ALELO – APLICAÇÃO DO PORTAL PARA GESTÃO E DIVULGAÇÃO DO BANCO DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO DO RIO DE JANEIRO

Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti^{1*}; Cláudia Pombo Sudré; Claudia Lougon Paiva de Almeida¹; Renato Sales dos Santos²; Gilberto de Oliveira Hiragi²; Rosana Rodrigues¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail: thamara_fmc@yahoo.com.br.

Tão importante quanto as atividades de caracterização e avaliação na promoção da conservação e uso dos bancos de germoplasma são os esforços para registrar e tornar públicos esses dados. Muitas instituições avançaram no desafio de caracterizar e avaliar suas coleções ou partes dos acessos, no entanto, na maioria das vezes, esses dados ficam disponíveis apenas para um restrito grupo de pesquisa. A importância do tema é reconhecida pelo TIRFAA. No levantamento de dados para o III Relatório Mundial sobre o Estado dos Recursos Genéticos Vegetais para Alimentação e Agricultura da FAO solicita-se indicar o número de acessos que, em dezembro de 2019, estavam conservados *ex situ* e documentados em um sistema de informação disponível ao público, especificando o nome e o endereço Web do sistema de informação, e se a instituição contribuiu com informações para sistemas de informação internacionais/regionais publicamente acessíveis de recursos genéticos. Ciente da relevância do tema a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia desenvolveu o Portal Alelo Recursos Genéticos, *on line* e público, para gerir coleções e bancos de germoplasma da Embrapa e instituições parceiras. O curador pode selecionar os dados que ficarão disponíveis ao público e automaticamente no *Genesys*, um portal desenvolvido pelo *Bioversity International*, e desde 2012 administrado pela *Crop Trust*. A UENF assinou o termo de adesão ao Portal em 2017, e os dados de passaporte dos acessos da coleção de feijões do estado do Rio de Janeiro foram inseridos na Plataforma. Esses acessos foram coletados em 27 municípios do estado do Rio, no período de 2015 a 2019, e estão sendo conservados de forma compartilhada com os doadores das sementes. Os dados de passaporte de 351 acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) doados por agricultores do estado do Rio de Janeiro foram migrados para o sistema AleloVegetal, contendo o código UENFXXXX, taxonomia (família, gênero e espécie), forma de obtenção, data de entrada, nome do doador (agricultor), localização geográfica da coleta (latitude, longitude, altitude), o nome comum utilizado pelo agricultor e dados de caracterização de 25 descritores. A organização e divulgação dos dados de forma acessível ao público em geral em uma plataforma *on line*, integralmente desenvolvida por instituição brasileira, é uma forma estratégica e segura de divulgar e valorar a diversidade mantida pelos agricultores.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; compartilhamento de dados; AleloVegetal.

Agradecimentos: FAPERJ.



IMPLEMENTAÇÃO DO SISTEMA DE QUALIDADE TOTAL NO BAG ARROZ E FEIJÃO

Paulo Hideo Nakano Rangel¹; Aluana Gonçalves de Abreu¹; Paula Pereira Torga¹.

¹ Embrapa Arroz e Feijão. *Paulo.hideo@embrapa.br .

A história do Banco Ativo de Germoplasma de Arroz e Feijão (BAG Arroz e Feijão) confunde-se com a história do Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão, hoje a Embrapa Arroz e Feijão. O BAG Arroz e Feijão, foi criado em 1975, e neste ano completa 45 anos de existência. O BAG Arroz e Feijão possui atualmente um acervo de 45.074 acessos, sendo 29.354 acessos de arroz (*Oryza* spp.) sendo que, 20.790 estão registrados no Portal Alelo e 15.720 de feijão (*Phaseolus* spp.) formados por variedades tradicionais coletadas no Brasil, cultivares comerciais, amostras de populações de espécies silvestres e linhagens de programas de melhoramento do país e do exterior. No BAG Arroz e Feijão está armazenado o maior acervo de recursos genéticos de arroz e feijão do Brasil. A conservação e o uso sustentável desse patrimônio genético são fundamentais para a pesquisa e para o cultivo de arroz e de feijão, portanto, tornando-se essencial para a competitividade da agricultura brasileira a sua adequada conservação, particularmente dos acessos de interesse imediato dos programas de melhoramento. Em 2017 o BAG Arroz e Feijão passou a participar do projeto “Implementação e Monitoramento de Sistemas da Qualidade na Vertente Vegetal (QUALIVEG). Em 2019 foi dado por concluído a implementação dos requisitos de qualidade no BAG Arroz e Feijão sendo que, de um total de 35 itens analisados, 34 (97%) foram atendidos e apenas um (3%) não foi atendido. O BAG Arroz e Feijão demonstrou o esforço de sua equipe para a implementação dos requisitos corporativos de qualidade definidos para o BAG de Arroz e Feijão, considerando, principalmente, que a chefia e a equipe estão sensibilizadas, que o BAG está organizado e limpo. Dentre as melhorias obtidas a partir da implementação dos requisitos de qualidade por meio do Projeto QUALIVEG estão: o reordenamento da infraestrutura do BAG Arroz e Feijão, com a divisão em área suja, de livre acesso (onde são processadas as amostras de sementes dos acessos de arroz e feijão oriundas das casas teladas da Fazenda Capivara e do telado de campo da Fazenda Palmital) e área limpa, com controle de acesso acionado por cartão magnético de aproximação (onde só são admitidas as amostras de sementes oriundas da área suja para pesagem, determinação do poder germinativo, determinação da umidade e fotografia das sementes e armazenamento); a operacionalização do BAG Arroz e Feijão de acordo com Protocolos Operacionais Padrão (POPs) pré-estabelecidos, internalizados e seguidos pela equipe, que promoveram a normatização de todas as atividades de rotina (enriquecimento, multiplicação, regeneração, caracterização, introdução de dados dos acessos de arroz e feijão no Portal Alelo e envio de amostras para o Banco Genético); a elaboração do Manual de Gestão do Banco de Germoplasma de Arroz e Feijão como documento orientador na operacionalização do BAG Arroz e Feijão.

Palavras-chave: germoplasma de arroz; germoplasma de feijão; recurso genético.



HISTÓRIA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PEREIRA DA EPAGRI/ESTAÇÃO EXPERIMENTAL DE CAÇADOR E CULTIVARES GERADOS NO BRASIL

Ivan Dagoberto Faoro^{1*}; Paulo Ricardo Dias de Oliveira²

¹Epagri/Estação Experimental de Caçador. ²Embrapa Uva e Vinho. *E-mail: ivanfaoro@uol.com.br.

O Banco de Germoplasma de Pereira (*Pyrus* spp.) (BAGPera), pertencente a Epagri/Estação Experimental de Caçador, possui o maior número de acessos dessa espécie no Brasil. Sua importância se destaca como fonte de recurso genético para programas de melhoramento genético. Atualmente, possui 161 acessos, sendo 48 acessos (29,8%) *Pyrus communis*, 43 (20,1%) são híbridos interespecíficos, 32 (26,7%) são *P. pyrifolia* e 38 (22,6%) são híbridos oriundos de programas de melhoramento. Nesses 47 anos de existência do BAG, a maior quantidade dos acessos vieram dos seguintes locais: a) em 1977: da Empasc/Estações Experimentais de Videira e de São Joaquim, do Instituto Agrônomo de Campinas-SP, da ESAL de Baependi e Delfin Moreira-MG e da empresa Safra de Fraiburgo-SC; b) em 1978: de Matos Costa-SC; c) em 1997: de Veranópolis e Marau-RS; d) em 1981: New York State University em Geneva-EUA e da Apalachian Fruit Research Station em West Virginia-EUA; e) em 1985: do Instituto Sper. per la Frutticoltura de Trento-Itália e da Universidade de Bologna-Itália; f) em 1987: da África do Sul. Alguns outros poucos acessos foram obtidos em outros locais, principalmente de produtores rurais, aqui não citados. O BAGPera é de fundamental importância, ainda mais considerando que esse gênero é exótico no Brasil. Os cultivares de pereira obtidos no exterior e aqui plantados exibem deficiências de adaptação, tais como brotação e floração deficiente, frutos malformados, baixa produtividade e suscetibilidade às principais doenças, tais como a entomosporiose (*Entomosporium mespili* L.), seca dos ramos (*Botryosphaeria* sp. S.) e sarna (*Venturia* sp. A.). Há necessidade de desenvolver novos cultivares adaptados às condições brasileiras. Atualmente, somente está ativo o programa de melhoramento de pereira da Embrapa Uva e Vinho, em Bento Gonçalves-RS. Pesquisas para desenvolver novos cultivares já foram presentes em anos passados, tais como: a) no Instituto Agrônomo, em Campinas-SP: lançadas 'Seleta', 'Triunfo' e 'Tenra' na década de 70, e 'Primorosa' e 'Centenária' na década de 80; b) na Embrapa Clima Temperado, em Pelotas-RS: 'Cascatense' na década de 90; c) e na Epagri/Estação Experimental de Caçador, em Caçador-SC: 'SCS421 Carolina' em 2017, a primeira cultivar do tipo asiático gerada no Brasil. As cultivares obtidas pelo IAC e pela Embrapa são híbridos entre *P. communis* ou são híbridos interespecíficos entre *P. communis* e *P. lecontei*. Há enorme potencial de uso dos acessos existentes no BAGPera para iniciar programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Pyrus*; Banco Genético; Pereira.

Agradecimentos: à Embrapa Uva e Vinho pelo apoio financeiro.



Descrição do Banco Ativo de Germoplasma de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste a partir dos dados de passaporte

Henrique Corrêa Falconi¹; Marcelo Mattos Cavallari²

¹Universidade de Araraquara-Uniara. ²Embrapa Pecuária Sudeste. *E-mail do autor apresentador: henrique.falconi@hotmail.com

Paspalum L. é um gênero predominantemente americano de gramíneas, com aproximadamente 350 espécies que são tradicionalmente classificadas em cerca de 30 grupos sem tratamento taxonômico formal, de acordo com características morfológicas das inflorescências e espiguetas. O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Paspalum*, mantido pela Embrapa Pecuária Sudeste, foi criado em 1989 e era composto sobretudo por acessos do Grupo Plicatula. Desde então, o BAG vem sendo enriquecido através de coletas, atualmente abrigando 488 acessos. O objetivo deste trabalho foi levantar informações que descrevam a composição atual do BAG, através de revisão dos dados de passaporte dos acessos disponíveis no sistema corporativo Alelo Vegetal, da Embrapa. Ao mesmo tempo, verificou-se o grau de completude dos dados de passaporte dos acessos no Sistema. Constatou-se que a totalidade dos acessos possui pelo menos alguma informação sobre sua origem, porém 29% dos acessos não possuem registro de data de coleta, enquanto 19% não possuem registro de data de incorporação ao BAG (provavelmente por já estarem na coleção antes da formalização do BAG como tal). O restante das informações, tais como nome do coletor, município onde foi coletado, coordenadas geográficas do local de coleta e identificação taxonômica, está completa em pelo menos 98,8% dos acessos. A partir da análise dos dados de passaporte foi possível observar que o BAG atualmente é composto por 54 espécies de 16 grupos. Vinte e oito acessos possuem identificação duvidosa em nível de espécie, requerendo revisão. O grupo mais bem representado no BAG ainda é o Grupo Plicatula, com 281 acessos (56% do total de acessos) de 12 espécies (22% do total de espécies). É seguido pelos grupos Notata (50 acessos, 8 espécies) e Virgata (38 acessos, 3 espécies). Os materiais coletados têm origem em diferentes regiões do Brasil, sendo a maioria deles oriundos das regiões Sul (247 acessos), Centro-Oeste (126 acessos) e Sudeste (107 acessos). As regiões Norte e Nordeste, somadas, estão representadas por apenas nove acessos. As maiores ondas de enriquecimento do BAG ocorreram através de coletas nas décadas de 1980 (31% dos acessos), 2010 (17%) e 2000 (15%). Os resultados desta análise permitiram conhecer o grau de completude dos dados de passaporte, e, sobretudo, permitiram visualizar rapidamente a composição do BAG em termos de local de origem, época de introdução no BAG e taxonomia, o que contribui para a tomada de decisões com relação a novas coletas para enriquecimento do BAG.

Palavras-chave: dados de passaporte; documentação; enriquecimento.

Agradecimentos: Embrapa



Recursos Genéticos Vegetais

6 - Pré-melhoramento e Melhoramento



GENETIC PROGRESS IN LINT YIELD AND ASSOCIATED TRAITS IN UPLAND COTTON RELEASED IN VENEZUELA SINCE 1963 TO 2010

Manuel Guzman^{1*}; Luis Vilain²; Tatiana Rondon¹

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA), Colombia.

²Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Venezuela.

*maguzman@agrosavia.co

Cotton is an important crop since ancient times by its fiber production used in the textile industry. To respond to the high demand for cotton fiber, constant enhancements by breeding, management, or adaptation are required. The study of the genetic gains is essential to show the changes in traits over the years, providing information about the real contribution and benefits of breeding and management efforts. In Venezuela, there is no report of the genetic progress in cotton. The objective of this study was to estimate the genetic gain of nine upland cotton genotypes released from 1963 to 2010 for lowlands agroecology of Venezuela. The evaluation was performed in three locations in Venezuela during 2012 and 2013 using a randomized complete block design, with three replications. Lint yield (LY), boll weight (BW), number of seed per boll (SB), seed index (SI), lint percent (LP), plant height (PH), and stem diameter (SD) were evaluated. Analysis of variance to individual and combined environments was performed, as well as regression analyses to estimate genetic gains and absolute genetic gains, expressed per year, and in percentage, respectively. Combined analysis of variance showed highly significant differences among the genotypes, environments, and their interaction for all traits with the exception of SB and SI. All variables have steadily increased for the period evaluated, except for PH with a gradually decreased of 0.12% per year. LY tended to increase significantly at 10.06 kg ha⁻¹ year⁻¹ or 0.29% year⁻¹, equivalent to a total of 503 kg ha⁻¹ in 50 years. A reduction of PH (0.19 cm year⁻¹) was observed, meanwhile BW (0.0022 g year⁻¹), SB (0.0029 year⁻¹), SI (0.0038 g year⁻¹), SD (0.0013 cm year⁻¹) and LP (0.0071% year⁻¹) presented an increase of 0.04, 0.01, 0.04, 0.08 and 0.02% year⁻¹, respectively, in the same period. These results indicated that the development and introduction of genotypes with divergent backgrounds have contributed to constant genetic progress in cotton cultivated in Venezuela.

Keywords: *Gossypium hirsutum* L.; genetic progress; plant breeding



HETEROSIS AND COMBINING ANALISYS OF INTERVARIETAL MAIZE HYBRIDS WITH HIGH QUALITY PROTEIN

Manuel Guzman^{1*}; Daizi Diaz²; Tatiana Rondon¹; Catalina Ramis³; Rafael Jimenez²

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA), Colombia.

²Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Venezuela. ³Universidad Central de Venezuela (UCV), Venezuela. *maguzman@agrosavia.co

Maize is one of the most important crops to human feed, specialty in Latin America, South Asia, and sub-Saharan Africa. However, maize grains have low contents of lysine and tryptophan, essential amino-acids to human and monogastric animals and that are unable to synthesize. The discovery of the o2 allele and its biochemical effect in the mid-1960s was the initial point to develop maize germplasm with an increased level of amino-acids (lysine and tryptophan). By the mid-1980s, quality protein maize (QPM) germplasm was developed by CIMMYT with continuous improvement in their attributes such as yield and other agronomic traits of interest. With the aim to estimate the general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) effects and heterosis, six non-conventional maize hybrids with high-quality of protein (QPM), their parents (synthetic varieties) and two local checks were evaluated for grain yield and other agronomic traits at Maracay, Venezuela. The Griffing method I, model II design was used to estimate GCA and SCA effects, on a complete randomized block design with three replications. The diallel analysis showed significant differences among genotypes for yield, days to anthesis, days to silking, uncovered maize ears, and maize ear rot. Yield for non-conventional maize QPM hybrids was 6709.5 kg ha⁻¹, 15% higher than their inbred parents (5810 kg ha⁻¹). The parent S07TLYAB-2 showed the highest GCA for yield, uncovered maize ears and maize ear rot, and the crosses S07TLYAB-1/S07TLYAB-2 (7630.9 kg ha⁻¹), S07TLYAB-2/S03TLYQAB-05 (7605.3 kg ha⁻¹) and S07TLYAB-2/S03TLYQAB-03 (6693.6 kg ha⁻¹) showed the highest SCA effects, and the first two showed the highest mid-parent heterosis ($\geq 23\%$) and best parent heterosis ($\geq 15\%$) for yield. These results indicate that it is possible to develop a hybridization program using the best-inbred parents to generate non-conventional hybrids, populations, and segregating inbred lines with high-quality protein that contribute to enrich the breeding programs.

Keywords: *Zea mays* L.; combining ability; QPM



EFEITO DO ÁCIDO GIBERÉLICO NA GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE EMBRIÕES DE *Musa* spp.

Táise Conceição Rodrigues¹; Hirlanda Brito Farias de Souza²; Manassés dos Santos Silva³; Fabiana Ferraz Aud⁴; Edson Perito Amorim⁵

¹ Universidade Federal de Sergipe. ² Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

³ Universidade Estadual de Feira de Santana. ⁴ Embrapa Mandioca e Fruticultura

*E-mail da apresentadora: hirlandasouza@hotmail.com.

As espécies selvagens diploides de *Musa* spp. são utilizadas nos cruzamentos em programas de melhoramento genético. Entretanto, as sementes geradas a partir desses cruzamentos apresentam barreiras físicas, fisiológicas e genéticas, quanto à formação de mudas. Este estudo teve por objetivo avaliar o efeito do ácido giberélico na germinação de embriões de sementes de espécies selvagens diploides de *Musa* spp.. Foram utilizadas sementes, três diploides selvagens de *Musa* spp. (Pisang Cici, Madu e Bermanier) oriundas de polinizações abertas realizadas pelo programa de melhoramento genético de bananas e plátanos da Embrapa Mandioca e Fruticultura. As sementes foram imersas em solução de ácido giberélico (AG₃) a 15 ppm em diferentes tempos (0, 24, 48 e 72 horas), seguida da retirada do embrião (resgate de embrião) realizando um corte longitudinal com auxílio de um estereoscópio, utilizando pinça e bisturi em câmara de fluxo laminar horizontal. Os embriões foram introduzidos em placas de Petri (25 x 100 mm) contendo 10 mL de meio de cultura MS suplementado com 30 g.L⁻¹ de sacarose e 2,6 g.L⁻¹ de Phytigel com pH ajustado para 5,8. As placas foram incubadas em câmara de crescimento com ausência de luminosidade e temperatura de 26 ± 2 °C com avaliação diária durante 30 dias. Foi utilizado um delineamento inteiramente casualizado constituído de quatro tratamentos (tempo de imersão em AG₃), sendo que cada tratamento continha seis repetições com 10 sementes cada. As variáveis analisadas foram: Germinação (G%), Tempo Médio de Germinação (TMG, dias) e Índice de Velocidade de Germinação (IVG). Maiores porcentagens de germinação (G%) foram observadas em Madu com 85% (imersão em AG₃ por 24 horas) seguido de Pisang Cici e Bermanier que obtiveram 40% (imersão em AG₃ por 48 horas) e 20% (imersão em AG₃ por 24 horas), respectivamente. Quanto ao TME, o diploide Madu apresentou o menor TMG (18 dias) para o tratamento com imersão em AG₃ por 24 horas. Analisando o IVG entre os três diploides, os valores variam entre 0,25 e 0,27 para o tratamento com imersão em AG₃ por 24 horas. Com isso, é necessários novos ajustes nos protocolos de cultivo *in vitro* de embriões *Musa* spp., além de ensaios com outros diploides para que se possa ter uma análise mais ampla e atender as demandas dos programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de novas cultivares.

Palavras-chave: AG₃; Cultivo *in vitro*; Resgate de embriões.

Agradecimentos: À Embrapa Mandioca e Fruticultura e a Fapesb.



SELEÇÃO COMBINADA PARA CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS GRÃOS DE CULTIVARES DE FEIJÃO

Nerinéia Dalfollo Ribeiro^{1*}; Greice Rosana Kläsener¹; Fabrício Fuzzer de Andrade¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS. *E-mail: nerineia@hotmail.com

A seleção combinada para várias características físicas dos grãos é inédita para cultivares de feijão e permite identificar e preservar recursos genéticos de alta qualidade. Para tanto, foram objetivos deste trabalho avaliar se cultivares de feijão de diferentes tipos de grãos diferem para 12 características físicas dos grãos e selecionar cultivares de feijão superiores. Dois experimentos consecutivos foram instalados no ano de 2019 em cultivo de verão (safrinha) e de primavera (safra). O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições, sendo avaliadas 22 cultivares de feijão de diferentes tipos de grãos (carioca, preto, vermelho e rajado). As seguintes características físicas dos grãos foram analisadas: coloração dos grãos determinada em um colorímetro pelos valores de L* (varia do preto ao branco), a* (mede a amplitude do verde ao vermelho) e b* (avalia do azul ao amarelo); massa de 100 grãos; comprimento; largura; espessura; forma; grau de achatamento; grãos normais; absorção; e tempo de cozimento. Os resultados obtidos foram submetidos às análises de variância e de índice de seleção (multiplicativo). A seleção foi aplicada no sentido de selecionar as cultivares de feijão com melhor qualidade física de grãos claros (seleção indireta apenas para a* e tempo de cozimento) e de grãos escuros (seleção indireta apenas para L*, a* e tempo de cozimento). Uma interação genótipo x ambiente significativa foi observada para todas as características, evidenciando que há variabilidade genética. Altas estimativas de herdabilidade ($h^2 \geq 68,20\%$) foram obtidas para todas as características físicas dos grãos, indicando maior expressão da variância genética na expressão dessas características. As maiores estimativas de ganho genético foram verificadas para massa de 100 grãos (37,60%), absorção (14,10%) e grãos normais (6,62%) na seleção de cultivares de feijão de grãos claros. Todavia, estimativas de ganho genético favoráveis a seleção de cultivares de feijão de grãos escuros foram constatadas para o valor de L* (-18,36), a* (-90,14) e largura dos grãos (1,45). As cultivares de feijão rajado BRS Executivo, BRS MG Realce e Hooter se destacam pela maior claridade, maior tamanho dos grãos e pelo cozimento rápido. As cultivares de feijão de grãos preto selecionadas (IPR Tiziu, BRS Esteio e Guapo Brilhante) mostram baixa claridade dos grãos e cozimento rápido. Essas seis cultivares de feijão possuem características físicas de grãos superiores e serão selecionadas pelo programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; índice de seleção.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO DE COZIMENTO RÁPIDO E BIOFORTIFICADAS PARA MINERAIS

Nerinéia Dalfollo Ribeiro^{1*}; Greice Rosana Kläsener¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS. *E-mail: nerineia@hotmail.com

O desenvolvimento de linhagens de feijão de cozimento rápido e biofortificadas para minerais possibilita a disponibilização de recursos genéticos de alto valor nutricional. Por isso, foram objetivos deste trabalho avaliar se linhagens elite de feijão Mesoamericano diferem para o tempo de cozimento e para a concentração de minerais e selecionar linhagens com cozimento rápido e biofortificadas para minerais com o uso de índice de seleção. Os dois experimentos foram conduzidos em delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. Os tratamentos avaliados consistiram de 16 genótipos de feijão Mesoamericano, sendo 13 linhagens elite obtidas pela Universidade Federal de Santa Maria e três cultivares Pérola, BRS Valente e Guapo Brilhante. Esses genótipos de feijão caracterizam os tipos de grãos mais produzidos e consumidos no Brasil, carioca (tegumento bege com estrias marrons) e preto. O tempo de cozimento foi determinado em um cozedor de Mattson e a concentração de minerais (potássio, fósforo, ferro, zinco e cobre) foi analisada por digestão ácida. Os dados obtidos foram submetidos às análises de variância (individual e conjunta) e de índice de seleção (multiplicativo). Uma interação genótipo x ambiente significativa foi observada para todos os caracteres, exceto para a concentração de fósforo em que foi significativo apenas o efeito de ambiente. Os resultados obtidos no índice multiplicativo mostraram alta herdabilidade (h^2 : 52,80 a 93,10%) e estimativas de ganho genético favoráveis a seleção de linhagens de feijão de cozimento rápido (-8,39%) e biofortificadas para ferro (5,89%), zinco (1,32%) e cobre (4,72%). Portanto, se espera facilidades para a seleção de linhagens de feijão superiores devido a maior expressão da variância genética na expressão desses caracteres, o que contribuiu para a obtenção de maior progresso na seleção. As seguintes linhagens de feijão se destacam para o tempo de cozimento e para a concentração de minerais: DF 07-11, DF 08-21, DF 08-20 e DF 08-28. Essas quatro linhagens de feijão apresentam cozimento muito rápido (até 15 min), alta concentração de potássio ($> 12,00 \text{ g kg}^{-1}$ de matéria seca) e os maiores valores médios de concentração de microminerais (ferro, zinco e cobre) observados, portanto a sua seleção é recomendada para o programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; índice de seleção.

Agradecimentos: CNPq.



ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE VIA METODOLOGIA AMMI

Maria Eduarda Facioli Otoboni^{1*}; Darllan Junior Luiz Santos Ferreira de Oliveira²; Bruno Ettore Pavan¹; Pablo Forlan Vargas³

¹Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Ilha Solteira-SP. ²Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal-SP. ³Universidade Estadual Paulista – Câmpus de Registro, Registro-SP. *Email do autor apresentador: eduarda.otoboni@unesp.br.

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é uma espécie autohexaploide pertencente à família *Convolvulaceae*, sendo a única espécie com expressão econômica dentro da família. Devido ao alto nível de ploidia e ao mecanismo de autoincompatibilidade, é portadora de grande diversidade genotípica e fenotípica. Dentre os diversos fenótipos encontrados, as raízes de polpa alaranjada são portadoras de grandes quantidades de betacaroteno, precursor de provitamina A. Diante disso, objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de batata-doce de polpa alaranjada. Foram avaliados 265 genótipos adicionando a cultivar “Beauregard” (266 tratamentos), em delineamento em blocos casualizados com duas repetições e parcela experimental de 1 m, com três plantas em espaçamento de 0,33 m. Os ensaios foram instalados nos municípios de Selvíria-MS, Vera Cruz-SP e em dois ambientes (sistema de produção orgânico e sistema de produção consorciado) no município de Sete Barras-SP. Foram avaliadas 17 variáveis, porém optou-se por utilizar três no presente estudo: produtividade comercial de raízes, teor de massa seca e coloração de polpa. De posse das análises de variância individuais e conjunta, procedeu-se com a análise de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia de análise dos efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) utilizando o *software* Genes. Após a interpretação dos resultados, ficou evidenciada a interação entre os genótipos e ambiente, sendo possível a estratificação e identificação dos ambientes propícios para o cultivo de batata-doce, permitindo a exclusão do ambiente consorciado no município de Sete Barras pela inaptidão de produção. Os genótipos CERAT25-23, CERAT29-23 e CERAT29-26 foram os mais adaptados ou município de Vera Cruz-SP. Já CERAT29-26, CERAT34-14 e CERAT56-32 foram os mais adaptados para Selvíria-MS e CERAT31-10, CERAT35-19 e CERAT52-22 foram os genótipos mais adaptados aos dois ambientes no município de Sete Barras-SP. Os genótipos CERAT16-03, CERAT21-13, CERAT29-26 e CERAT52-22 foram os mais adaptados e estáveis em todos os ambientes baseado na metodologia utilizada.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* L; Interação genótipo x ambiente; Melhoramento Genético.

Agradecimentos: Processo nº 2017/08032-0, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo apoio financeiro à pesquisa e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas.



USO DA METODOLOGIA MHPRVG NA AVALIAÇÃO DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE

Maria Eduarda Facioli Otoboni^{1*}; Darllan Junior Luiz Santos Ferreira de Oliveira²; Bruno Ettore Pavan¹; Pablo Forlan Vargas³

¹Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira.

²Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias

³Universidade Estadual Paulista – Câmpus de Registro. *Email do autor apresentador: eduarda.otoboni@unesp.br.

As análises de adaptabilidade e estabilidade permitem avaliar o comportamento de genótipos com enfoque na adaptação geral ou específica a determinados ambientes. Nesse sentido, objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de batata-doce com altos teores de betacaroteno em busca da futura obtenção de novas cultivares. O trabalho foi realizado nos municípios de Selvíria-MS, Vera Cruz-SP, e em dois ambientes (sistema de produção orgânico e sistema de produção consorciado) no município de Sete Barras-SP. Foi adotado delineamento em blocos casualizados com duas repetições e parcela experimental de 1 m composta por três plantas dispostas em espaçamento de 0,33 m. Avaliou-se 265 genótipos e a cultivar “Beauregard” como testemunha (266 tratamentos). Foram avaliadas as variáveis: produtividade comercial de raízes (PC), teor de massa seca (TMS) e coloração de polpa (CP). Realizou-se as análises de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) no *software* Selegen. Com base nas estimativas de estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG), foram ordenados os 30 genótipos com os melhores resultados. Em PC, 14 genótipos ficaram entre os 30 melhores em MHVG, PRVG e MHPRVG, indicando boas produtividades, adaptabilidade e estabilidade, com destaque para os genótipos CERAT21-05 (51,28 t ha⁻¹), CERAT29-26 (49,79 t ha⁻¹) e CERAT60-05 (48,31 t ha⁻¹). Os genótipos CERAT25-13, CERAT21-02 e CERAT51-30 foram os mais estáveis em PC. Em TMS, 12 genótipos ficaram entre os melhores em MHVG, PRVG e MHPRVG destacando CERAT26-34 (34,21%) e CERAT16-10 (32,99%). Os genótipos mais adaptados nessa variável foram CERAT26-34, CERAT16-10 e CERAT60-19. Em CP, 22 genótipos entre os 30 melhores foram classificados simultaneamente em MHVG, PRVG e MHPRVG, indicando a adaptabilidade, estabilidade e constância nesse caractere. Destacaram-se CERAT21-04, CERAT21-13, CERAT25-27 e CERAT35-13 ambos indicando a coloração alaranjada. Levando em consideração as três variáveis avaliadas, os genótipos CERAT21-13, CERAT21-21 e CERAT29-26 são os mais promissores.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* L; Interação genótipo x ambiente; Novas cultivares.

Agradecimentos: Processo nº 2017/08032-0, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo apoio financeiro à pesquisa e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas.



SELEÇÃO COMBINADA PARA CARACTERES TECNOLÓGICOS E MINERAIS DE VARIEDADES LOCAIS E CULTIVARES DE FEIJÃO

Sandra Maria Maziero¹; Nerinéia Dalfollo Ribeiro^{2*}; Guilherme Godoy dos Santos^{1,2}; Greice Godoy dos Santos¹

¹Associação Sulina de Crédito e Assistência Rural. ²Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS. *E-mail: maziero.sandra@gmail.com

A caracterização da qualidade tecnológica e da concentração de minerais de variedades locais cultivadas na agricultura familiar e de cultivares de feijão desenvolvidas pela pesquisa possibilita a preservação e o uso de recursos genéticos de alta diversidade. Os objetivos desse trabalho foram avaliar se variedades locais e cultivares de feijão diferem para caracteres tecnológicos e concentração de minerais e selecionar as cultivares superiores. O delineamento experimental usado foi o látice simples 7x7, com duas repetições, sendo avaliados 49 genótipos de feijão (37 variedades locais e 12 cultivares) em três experimentos. Os seguintes caracteres foram determinados: massa de 100 grãos, comprimento, largura, espessura, valor de L* (mede a variação do preto ao branco), valor de a* (avalia do verde ao vermelho), valor de b* (análise do azul ao amarelo), grãos normais, absorção, tempo de cozimento e concentração de fósforo, magnésio, ferro, zinco e cobre. Os resultados obtidos foram submetidos às análises de variância (individual e conjunta) e de índice de seleção (multiplicativo). A seleção direta foi aplicada a todos os caracteres, exceto para o valor de a* e tempo de cozimento na seleção de cultivares de grãos claros e exceto para os valores de L* e de a* e tempo de cozimento na seleção de cultivares de grãos escuros. Para todos os caracteres avaliados foi constatada interação genótipo x ambiente significativa, mostrando que há variabilidade genética. Altas estimativas de herdabilidade ($h^2 \geq 61,40\%$) foram observadas para todos os caracteres, exceto para a concentração de ferro em que a herdabilidade foi de intermediária magnitude ($h^2 = 54,96\%$). Ganhos genéticos individuais favoráveis aos objetivos da seleção de cultivares de grãos claros foram obtidos para todos os caracteres, exceto para o comprimento dos grãos (-3,54%), tempo de cozimento (5,10%) e concentração de ferro (-1,14%). Quando se considerou a seleção de cultivares de grãos escuros, as estimativas de ganho genético verificadas somente não foram favoráveis para a massa de 100 grãos (-9,76%) e para a concentração de fósforo (-2,10%). As seguintes cultivares de feijão apresentam caracteres tecnológicos e concentração de minerais superiores: de grãos claros - Preguiçoso, Inhoque, Carioca Vila Nova do Sul, Trindade e Pérola, e de grãos escuros - Argentino, Turrialba, Banana, Vagem Roxa e Paraná. A conservação e o uso dessas 10 cultivares de feijão é indicada para os programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; índice multiplicativo.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



PRÉ- MELHORAMENTO DE UM ACESSO DE PIMENTA ORNAMENTAL

Jéssica Gonsalez Cruz¹; Tatieli Silveira¹; Daniane Muniz Veiga²; Luiz Fernando Marques²; Raquel Silviana Neitzke²; Rosa Lía Barbieri³

¹UFPEL – Universidade Federal de Pelotas. ²IFRSul – Instituto Federal Sul-rio-grandense.

³Embrapa Clima Temperado. *jessica.gonsalez@hotmail.com.

Algumas plantas de pimentas do gênero *Capsicum* apresentam folhas, flores e frutos que lhes conferem características estéticas para uso ornamental. Este trabalho teve por objetivo realizar o pré-melhoramento de um acesso ornamental segregante do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado, Pelotas/ RS. O acesso P100 (*Capsicum annuum*) foi utilizado por apresentar plantas com características ornamentais (arquitetura de planta compacta, abundante floração, frutos eretos e brilhantes, com cores intensas) e por ser um acesso altamente segregante. Foram avaliadas 67 plantas F1 (resultantes da autopolinização de plantas do acesso original) e 62 plantas F2 (resultantes da autopolinização das plantas F1), cultivadas em casa de vegetação em vasos com capacidade para 5 L. Para a obtenção das plantas F2 foi aplicado o método SSD (*single seed descent*). As avaliações foram realizadas em 2018 e 2019, na Embrapa Clima Temperado (em Pelotas) e no Instituto Federal Sul-Rio-Grandense (em Bagé). Foram avaliados cor da haste, antocianina nodal, hábito de crescimento da planta, densidade de ramificação, densidade de folhas, cor da folha, número de flores por axila, pose da flor, cor da corola, pigmento do cálice, cor do fruto imaturo, posição do fruto, cor do fruto maduro, formato do fruto, formato da ponta do fruto e brilho do fruto. Foi obtida a contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética pelo método proposto por SINGH. Foi realizada análise de agrupamento com base na distância Euclidiana como medida de dissimilaridade. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa Genes. Foi observada segregação para os caracteres avaliados tanto na F1 como na F2, destacando cor do fruto imaturo (verde, amarelo e violeta) e maduro (vermelho claro, vermelho escuro e violeta), antocianina nodal (verde e violeta), densidade de ramificação (intermediária e esparsa), pose da flor (intermediária e pendente), posição do fruto (pendente e ereto). As variáveis que mais contribuíram para a dissimilaridade entre as plantas na F1 foram antocianina nodal, pose da flor e cor do fruto imaturo, se repetindo na F2 as variáveis pose de flor e cor do fruto imaturo, seguidos de posição do fruto, densidade de ramificação e cor da corola. A variabilidade genética apresentada em F1 e F2, especialmente para a pose da flor e cor do fruto imaturo, evidencia o potencial dessas populações segregantes para o desenvolvimento de variedades de pimenta ornamental.

Palavras-chave: *Capsicum annuum*; SSD, melhoramento genético.

Agradecimentos: agradecimento ao CNPq pela concessão de bolsa.



ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO DE GRÃOS DE FEIJOEIRO CULTIVADOS EM DIFERENTES AMBIENTES E ÉPOCAS DE SEMEADURA

Acácia Mecejana Diniz Souza Spitti^{1*}; Sérgio Augusto Moraes Carbonell¹; Carlos Tadeu dos Santos Dias²; Luis Gustavo Sabino³; João Guilherme Ribeiro Gonçalves¹; Alisson Fernando Chiorato¹

¹Instituto Agronômico (IAC). ²Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ) e Universidade Federal do Ceará. ³Universidade Estadual de Campinas (Unicamp). *E-mail da autora apresentadora: acaciaspitti@hotmail.com.

Dentre as características avaliadas em ensaios de feijoeiro, a produtividade é uma das mais importantes, assim como genótipos adaptados e estáveis aos ambientes são cada vez mais almejados em programas de melhoramento, além de outras características de interesse do melhorista. Os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (ensaios de VCU) são conduzidos por várias épocas e anos agrícolas a fim de recomendar cultivares distintas, homogêneas e estáveis ao setor produtivo. Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de produção de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes e épocas de semeadura no estado de São Paulo, usando a análise AMMI (modelo dos efeitos principais aditivos e interação multiplicativa). Os experimentos foram conduzidos nas épocas da “seca” (Campinas, Capão Bonito, Mococa e Tatuí), “inverno” (Votuporanga) e das “águas” (Campinas, Capão Bonito, Mococa e Tatuí) em 2016 e “seca” (Mococa) e “inverno” (Votuporanga) em 2017, totalizando 11 ambientes. Realizou-se a análise de variância e procedeu-se ao teste de comparação de médias de Tukey ao nível de 5% de significância para a variável produtividade de grãos. Para estimar a adaptabilidade e estabilidade de produção dos genótipos utilizou-se a análise AMMI. Os genótipos com maiores produtividades considerando 11 ambientes avaliados foram CNFC 11-954 (2.896 kg.ha⁻¹), LP 11-363 (2.879 kg.ha⁻¹) e Gen 45-2F-293P (2.863 kg.ha⁻¹). Os genótipos que se destacaram na época da seca foram LP 11-363 (3.102 kg.ha⁻¹) e Gen 125-10A-510 (2.860 kg.ha⁻¹), na época inverno CNFC 11-954 (3.359 kg.ha⁻¹) e Gen 4-1F-19P (3.265 kg.ha⁻¹) e na época das águas Gen 45-2F-293P (2.784 kg.ha⁻¹) e CHC 01-175-1 (2.724 kg.ha⁻¹). Os ambientes que se destacaram com as maiores produtividades médias foram Campinas, seca/2016 (4.039 kg.ha⁻¹) e Capão Bonito, águas/2016 (4.003 kg.ha⁻¹). O genótipo IAC Sintonia destacou-se por apresentar estabilidade produtiva e o IAC Una por possuir adaptabilidade aos ambientes avaliados. Foi possível identificar genótipos superiores, levando-se em consideração a adaptabilidade e estabilidade de produção em diferentes ambientes.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; AMMI; programas de melhoramento.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP); Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).



TEOR DE PROTEÍNA BRUTA EM GRÃOS DE FEIJOEIRO AVALIADO POR DIFERENTES MÉTODOS

Acácia Mecejana Diniz Souza Spitti^{1*}; José Willams Coracy da Silva²; Sérgio Augusto Morais Carbonell¹; Rose Marry Araújo Gondim-Tomaz¹; Cássia Regina Limonta Carvalho¹; Alisson Fernando Chiorato¹

¹Instituto Agronômico (IAC). ²Pontifícia Universidade Católica de Campinas (PUC). *E-mail da autora apresentadora: acaciaspitti@hotmail.com.

A qualidade nutricional, principalmente de genótipos de feijoeiro com maiores teores de proteína bruta é almejado pelos programas de melhoramento. A análise empregada atualmente para determinação do teor de proteína leva muito tempo e consumo de reagentes, e o descarte é um gargalo para os laboratórios. Diante disso, objetivou-se avaliar o teor de proteína bruta nos grãos de genótipos de feijoeiro, cultivados nas épocas da “seca” (Campinas e Tatuí), “inverno” (Votuporanga e Ribeirão Preto) e das “águas” (Mococa e Campinas) de 2016, em seis ambientes no estado de São Paulo utilizando a espectroscopia na região do infravermelho próximo (NIR). Os genótipos foram avaliados pelo método de referência de micro-Kjeldahl e os resultados foram utilizados para desenvolver um modelo de calibração multivariada para prever os teores de proteína em feijão a partir de modelo de regressão por mínimos quadrados parciais (PLS) utilizando o NIR. O modelo desenvolvido apresentou boa precisão, com baixo erro padrão e alto coeficiente de determinação de validação, calibração e previsão. Assim, com os teores de proteína bruta preditos pelo modelo para os genótipos nos diferentes ambientes, procedeu-se à análise de variância e realizou-se o teste de comparação de médias de Tukey (5%). O teor de proteína bruta foi influenciado pelos ambientes e apresentou interação genótipo por ambiente. Os genótipos que se destacaram, em geral, com os maiores teores de proteína em porcentagem foram Gen 78-1A-59 (seca, inverno, águas e conjunta) e IAC Una (águas e conjunta), sendo indicados para inclusão em blocos de cruzamento de feijoeiro em programas de melhoramento. Com o modelo de calibração multivariada desenvolvido foi possível reduzir o uso de reagentes químicos e aumentar o número de amostras realizadas em laboratório. O método de espectroscopia na região do infravermelho próximo pode ser utilizado para reduzir o tempo de análise e aumentar a quantidade de genótipos avaliados na rotina dos programas, reduzindo o tempo de melhoramento genético de feijoeiro, visando principalmente o lançamento de cultivares com altos teores de proteína bruta nos grãos.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; calibração multivariada; quadrados mínimos parciais.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP); Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).



POLIPLOIDIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *Paspalum compressifolium* E *P. lenticulare*

Alessandra Pereira Fávero^{1*}; Julia Ruiz Gomes Ferreira²; Cintia Hiromi Okino¹;
Bianca Baccili Zanotto Vigna¹

¹Embrapa Pecuária Sudeste ²Universidade Federal de São Carlos - UFSCar

*alessandra.favero@embrapa.br

O gênero *Paspalum* (Poaceae) é conhecido por muitas de suas espécies serem interessantes para consumo animal, como forrageiras, ou para cobertura vegetal, como gramados. É nativo das Américas e engloba aproximadamente 400 espécies que foram categorizadas em grupos botânicos informais, sendo um deles conhecido como Plicatula. Este agrupa muitas espécies com alto potencial forrageiro e a Embrapa Pecuária Sudeste possui a maior coleção ativa de espécies do grupo Plicatula do mundo. Para realizar um programa de melhoramento dentro desse grupo, há a necessidade de uso de metodologias de poliploidização de cromossomos, pois os genótipos sexuais são diplóides e os tetraplóides são apomíticos. Logo, este trabalho teve por objetivo identificar acessos diplóides do Banco Ativo de Germoplasma de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste, confirmar seu modo de reprodução e duplicar o número de cromossomos com o objetivo de futuramente utilizar estas plantas tetraplóides sexuais como genitores femininos no programa de melhoramento genético de *Paspalum*. Acessos diploides de *P. compressifolium* e *P. lenticulare* foram identificados por caracterização meiótica como sendo diplóides e possuindo 20 cromossomos. Ambos foram considerados sexuais após avaliação por clareamento de ovários. Sabe-se que acessos sexuais desse grupo são considerados autoincompatíveis, logo para a obtenção de um maior número de sementes, plantou-se a campo as duas espécies citadas para permitir o cruzamento interespecífico, sabendo-se que, como são do mesmo grupo, os cruzamentos seriam facilitados. Em seguida, 4222 cariopses dos dois genótipos foram tratadas com seis diferentes tratamentos com colchicina (cariopses pré-germinadas por 24h e imersas em colchicina 0,5% por 1h, cariopses em papel germitest com colchicina 0,1% ou 2% + DMSO 2% por 24h, cariopses pré-germinadas por 39h em papel germitest com colchicina 0,1% ou 2% + DMSO 2% por 24h, cariopses pré-germinadas por 39h em papel germitest com colchicina 0,1% ou 2% + DMSO 2% por 48h). Foram analisadas 243 plantas quanto ao conteúdo de DNA por marcação com iodeto de propídeo seguida por leitura em citômetro de fluxo. Oito plantas foram consideradas candidatas a possuírem tecidos poliploides. Estas plantas serão caracterizadas quanto ao modo de reprodução e número de cromossomos, e avaliadas molecularmente para confirmação do genitor masculino.

Palavras-chave: gramíneas forrageiras; pré-melhoramento; apomixia.

Agradecimentos: Embrapa e FAPESP (projetos no. 2018/07624-3 e 2018/18691-3)



DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE VARIEDADES LOCAIS E CULTIVARES DE FEIJÃO BASEADA EM CARACTERES TECNOLÓGICOS E NUTRICIONAIS

Guilherme Godoy dos Santos^{1,2}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro^{1*}; Sandra Maria Maziero²; Greice Godoy dos Santos¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS. ²Associação Sulina de Crédito e Assistência Rural. *E-mail: guilhermepassamani@hotmail.com

A caracterização da diversidade genética de recursos genéticos de feijão utilizados na agricultura familiar (variedades locais) e desenvolvidos por programas de melhoramento (modernas cultivares) permite a preservação e o uso de germoplasma diferenciado. Os objetivos desse trabalho foram avaliar a variabilidade genética de variedades locais e de modernas cultivares de feijão para 15 caracteres tecnológicos e nutricionais e analisar a divergência genética entre essas cultivares. Para tanto, três experimentos foram conduzidos entre os anos de 2017 e 2018 em delineamento látice simples 7x7, com duas repetições. Um total de 49 cultivares de feijão foram avaliadas, sendo 37 variedades locais e 12 modernas cultivares, caracterizando a diversidade de tipos de grãos cultivados no Brasil. Os seguintes caracteres tecnológicos foram determinados: massa de 100 grãos, comprimento, largura, espessura, valor de L* (avalia a variação na cor do preto ao branco), valor de a* (mede a amplitude do verde ao vermelho), valor de b* (análise do azul ao amarelo), grãos normais, absorção de água e tempo de cozimento. Os caracteres nutricionais foram avaliados pela concentração de fósforo, magnésio, ferro, zinco e cobre. Uma interação genótipo x ambiente significativa foi observada para todos os caracteres, indicando que existe variabilidade genética. As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 93,11% da variação total, sendo que os valores de L* (1,007) e de a* (0,547) apresentaram maior importância na diferenciação entre as cultivares de feijão. O agrupamento realizado com as duas primeiras variáveis canônicas foi representado em um gráfico de dispersão bidimensional dos escores obtidos, sendo observados oito grupos. Cada grupo foi formado por cultivares de feijão de diferentes cores de grãos: grupo 1 - cultivares de grãos vermelhos; grupo 2 - cultivares de grãos rosa; grupo 3 - cultivares de grãos bege, carioca e rajado; grupo 4 - cultivar de grãos branco; grupo 5 - maioria das cultivares de grãos preto; grupo 6 - cultivares de grãos verde; grupo 7 - maioria das cultivares de grãos cinza; grupo 8 - cultivares de grãos roxo. A análise de variáveis canônicas possibilita a diferenciação entre as cultivares de feijão pela coloração dos grãos, ou seja, pelos valores de L* e a*, no entanto fornece poucas informações em relação aos demais caracteres tecnológicos e nutricionais avaliados.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; análise de agrupamento.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



INOCULAÇÃO *IN VITRO* DE SEGMENTOS NODAIS DE *Olea europaea* L.

Márcia Aparecida Novaes Gomes^{1*}; Adriely Hilario da Silva¹

¹Faculdade de Tecnologia de Capão Bonito. *E-mail: marcia.angomes@fatec.sp.gov.br

Olea europaea L., conhecida como oliveira, é uma espécie arbórea predominante da Europa Mediterrânea e mundialmente apreciada na alimentação, como azeitona de mesa ou azeite. O Brasil é o terceiro maior consumidor do azeite de oliva do mundo e diversos estudos vêm mostrando a possibilidade do cultivo de olivais no país, para tanto faz-se necessário estudos de técnicas que visem a propagação da espécie disponibilizando grande quantidade de mudas. A micropropagação, ou propagação *in vitro*, é uma ferramenta com potencial para a multiplicação de genótipos de espécies florestais de interesse econômico ou ambiental, entretanto o estabelecimento *in vitro* da espécie depende de procedimentos eficientes de descontaminação do explante utilizado. Assim, o objetivo do presente trabalho foi o de estabelecer um protocolo de desinfestação de segmentos nodais do cultivar arbequina da oliveira, que permita o seu estabelecimento para o cultivo *in vitro*. Cepas mantidas no viveiro da Fatec Capão Bonito foram tratadas durante quatro semanas com o fungicida sistêmico azoxystrobin e o de contato captana, associado com antibiótico estreptomicina, nas doses de 2,0, 2,4 e 0,7 g L⁻¹, respectivamente. Em seguida, em fluxo laminar, no laboratório, segmentos nodais obtidos a partir das brotações das cepas, foram tratados com solução de hipoclorito de sódio, testando-se três concentrações de cloro ativo em três períodos de imersão sob agitação (1,5 % em 20 min, 2,5% em 15 min e 5% em 5 min) e, então, inoculados em meio Murashige & Skoog (MS), acrescidos dos antioxidantes polivinilpirrolidona (200 mg L⁻¹), ácido cítrico (150 mg L⁻¹) e ácido ascórbico (150 mg L⁻¹). Após a inoculação, foram mantidos em câmara de crescimento a 25 ± 2°C, no escuro, por um período de sete dias, visando a diminuição de oxidação. Depois desse período, o material foi transferido para luz, com fotoperíodo de 16 horas. Cada tratamento contou com três repetições e a unidade experimental constituída por cinco frascos de vidro de 100 mL, com três explantes cada. Foram realizadas avaliações aos sete, quatorze e trinta dias quanto à porcentagem de contaminação presente e de explantes vivos. Aos 30 dias, os tratamentos na concentração de hipoclorito de sódio 1,5% em 20 min de imersão e em 2,5% em 15 min apresentaram 40% e 80%, respectivamente, de descontaminação. Já no tratamento em 5,0% e imersão por 5 min, ocorreu a descontaminação e sobrevivência dos explantes em 90%. Os dados obtidos sugerem que os tratamentos testados para a desinfestação de micro-organismos em segmentos nodais da oliveira, nas condições testadas, foram eficazes e que o uso de hipoclorito de sódio em 5% com 5 minutos de imersão é o ideal.

Palavras-chave: arbequina; micropropagação; cultura de tecidos.



SOBREVIVÊNCIA E ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze SOB EFEITO DE ÁCIDO INDOLBUTÍRICO

Márcia Aparecida Novaes Gomes^{1*}; Beatriz Flor de Liz Moreira de Oliveira¹

¹Faculdade de Tecnologia de Capão Bonito. *E-mail: marcia.angomes@fatec.sp.gov.br

Araucaria angustifolia, conhecida como araucária ou pinheiro brasileiro é o principal componente arbóreo das Florestas de Araucárias, dentro da Mata Atlântica. A extração ilegal de sua madeira e a conversão agrícola da Mata Atlântica resultaram em uma degradação severa, ficando reduzidas a 13% da sua ocupação original. O plantio comercial da araucária é importante por sua madeira e semente, o pinhão, o qual tem potencial comercial e pode ser uma alternativa rentável para a sua exploração. O incentivo do plantio comercial da araucária para a exploração do pinhão, torna também possível o uso comercial de sua madeira, impedindo a exploração predatória de suas matas. A propagação da araucária ainda depende das sementes, o que dificulta a disponibilidade de mudas, uma vez que a variabilidade genética é alta, o número de sementes viáveis é baixo e o período para a formação do pinhão ocorre de 18 a 35 meses. Como forma de obtenção de mudas da espécie, a miniestaquia vem sendo indicada como potencialmente viável, uma vez que permite a homogeneidade das mudas e produção em maior escala. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o uso da miniestaquia em araucária, testando-se o fitorregulador ácido indolbutírico (AIB) como promotor do enraizamento. Minicepas da espécie foram formadas a partir de mudas com origem seminal e, das brotações presentes nas minicepas, foram confeccionadas as miniestacas com em torno de 8 cm de comprimento e com a manutenção de 2/3 das acículas. Antes do estaqueamento em tubetes contendo substrato comercial, composto por palha de arroz carbonizada (41%), vermiculita (35%) e fibra de coco (24%), foram tratadas com AIB nas concentrações de 3000, 4000, 5000 e 6000 mg L⁻¹. As bandejas, contendo os tubetes com as miniestacas, foram mantidas em casa de vegetação com sombrite 50% e sob sistema de nebulização. A nutrição foi realizada semanalmente com o fertilizante orgânico Biofertilizante, diluído em água deionizada a 20 g L⁻¹. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com 20 miniestacas por tratamento. Após 90 dias, foram mensuradas a sobrevivência e a porcentagem de miniestacas enraizadas. Ao final do período dos experimentos, observou-se o enraizamento naquelas tratadas com 4000 e 5000 mg L⁻¹, em 13,6 e 37,3%, respectivamente, com a sobrevivência de 30% e somente nas tratadas com 5000 mg L⁻¹. Conclui-se, dentro das condições testadas, que a técnica de miniestaquia pode ser aplicada em *A. angustifolia* e que o tratamento com o hormônio AIB é necessário para a indução do enraizamento e sobrevivência das miniestacas.

Palavras-chave: pinheiro brasileiro; clonagem; enraizamento.



IDENTIFICAÇÃO DA ORIGEM GENÔMICA POR ALINHAMENTO DE SEQUÊNCIAS MICROSSATÉLITES DE *Eugenia uniflora* L.

Luana Oliveira de Oliveira^{1*}; Dalvan Carlos Beise¹; Daniele Damian dos Santos¹; Valdir Marcos Stefenon^{2*}

¹Universidade Federal do Pampa, ²Universidade Federal de Santa Catarina.

*E-mail: luanadasoliveiras@hotmail.com

A espécie *Eugenia uniflora* L. (pitangueira) pertence à família Myrtaceae sendo nativa dos biomas Mata Atlântica, Pampa e Cerrado. É utilizada pela medicina popular há várias gerações e na confecção de produtos alimentícios e farmacêuticos, além da grande apreciação dos frutos para consumo *in natura*. Diante disso, são necessários estudos que possam contribuir para melhor elucidar a espécie e suas características que influenciam diretamente na qualidade da produção. Marcadores moleculares são ferramentas importantes nesta perspectiva e saber a origem genômica dos *loci* avaliados é necessário. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi investigar a possível origem genômica de 24 sequências correspondentes a marcadores microssatélites desenvolvidos para *E. uniflora* através de sequenciamento de nova geração. Para isto, foi realizado uma busca por sequências correspondentes no banco de dados GenBank/NCBI, comparando as regiões contendo os *loci* microssatélites com sequências depositadas, utilizando a ferramenta BLASTn com a configuração (*Highly similar sequences-megablast*) para uma maior confiabilidade nos alinhamentos obtidos. Para determinar a possível origem genômica foram consideradas as seguintes informações: a porcentagem de identidade (*identities*) e a porcentagem de cobertura de consulta (*query cover*). Os alinhamentos obtidos para 12 *loci* apresentaram alta similaridade (>97%) com regiões gênicas de *Eucalyptus grandis* W.Hillebrand, portanto estão ligados a regiões codificantes e podem ser utilizados para estudos relacionados à adaptabilidade de populações a diferentes fatores ambientais ou produção de compostos secundários peculiares. Sete *loci* não apresentaram nenhum alinhamento, sugerindo que estão em regiões não expressas ou neutras do genoma. Enquanto outras três sequências podem estar relacionadas a rotas bioquímicas e metabólicas que fazem parte dos processos de desenvolvimento das plantas, assim como a possibilidade de estar envolvida na resposta a resistência contra oomicetos patogênicos. Os resultados obtidos, ainda que preliminares, demonstraram alta similaridade entre as sequências de *E. uniflora* com as de *E. grandis*, sugerindo uma grande possibilidade da transferência desses marcadores para espécies correlacionadas. Contudo, é fundamental o desenvolvimento de mais estudos sobre as funções das regiões codificantes relacionadas às sequências alinhadas, visando estratégias para a conservação dos recursos genéticos da espécie.

Palavras-chave: Myrtaceae; pitangueira; bioinformática



MÉTODOS ALTERNATIVOS PARA SUPERAÇÃO DE DORMÊNCIA DE SEMENTES DE LEUCENA

Naiala da Hora Góes^{1*}; Jacqueline de Brito Bispo¹; Taíse Conceição Rodrigues²; Manassés dos Santos Silva³; Teresa Aparecida Soares de Freitas⁴

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Universidade Federal de Sergipe.

³Universidade Estadual de Feira Santana. ⁴Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *goesdahora@gmail.com

A busca pela preservação e conservação da biodiversidade vegetal baseia-se também em mecanismos que facilitem o processo germinativo de plantas, uma vez que apresentam limitações, dificultando a perpetuação de algumas espécies florestais. Essa limitação, também chamada de dormência, vem sendo foco de pesquisas voltadas para o desenvolvimento de estratégias que possam superá-la. A espécie de Leucena (*Leucaena leucocephala*) apresenta uma dormência tegumentar, o que limita a sua produção para reflorestamento de áreas degradadas, além do que, compreender os fatores que limitam este processo germinativo é fundamental para a propagação da espécie. Dessa forma, objetivou-se nesse estudo avaliar métodos alternativos para superação da dormência em sementes de Leucena. As sementes foram coletadas de quatro matrizes distintas e posteriormente submetidas a diferentes tratamentos com escarificação mecânica (Lixa nº 80) combinadas com imersão em água ou refrigerante em diferentes tempos (0, 6, 24 e 48 horas) a temperatura ambiente (25°C). Os tratamentos foram compostos por quatro repetições contendo 50 sementes cada seguindo o modelo experimental inteiramente casualizado. Para o processamento dos dados, realizou-se análise de variância e comparação das médias utilizando o Teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. As avaliações foram realizadas diariamente após a semeadura e as variáveis analisadas foram: Germinação na primeira contagem (%G); Plântulas Normais (%PN); e Índice de Velocidade de Germinação (IVG). Os resultados obtidos mostraram que entre os tratamentos aplicados, a utilização da escarificação mecânica em combinação com imersão em água ou refrigerante durante 6 horas a 25°C apresentou um percentual de germinação de aproximadamente 45% para apenas a imersão em água, seguido da combinação com refrigerante que apresentou cerca de 40,0%. Maiores IVGs foram obtidos para os tratamentos submetidos também para imersão durante 6 horas com 38,3 e 36,8 para refrigerante e água, respectivamente. A maior percentagem de plântulas normais (%PN) foi obtida apenas para o tratamento de imersão em refrigerante durante 6 horas a 25°C (33,8%). Com isso, quanto menor o tempo de imersão de sementes de Leucena associada à escarificação mecânica, maior será a percentagem de germinação e a formação de plântulas normais.

Palavras-chave: Escarificação; Germinação; *Leucaena leucocephala*

Agradecimentos: A Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Campus Cruz das Almas BA.



DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CULTIVARES DE FEIJÃO BASEADA EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS GRÃOS

Greice Rosana Kläsener^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Henrique da Silva Argenta¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS. *E-mail: rosanaklasener@hotmail.com

O desenvolvimento de cultivares de feijão com características físicas dos grãos superiores fornece recursos genéticos que atendem à demanda de diferentes agricultores e consumidores. Nesse contexto, os objetivos deste trabalho foram avaliar a variabilidade genética de cultivares de feijão de diferentes tipos de grãos para 12 características físicas dos grãos e analisar a divergência genética dessas cultivares de feijão. Os dois experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, em duas épocas de cultivo no ano de 2019. Um total de 22 cultivares de feijão de diferentes tipos de grãos foram avaliadas. As características físicas dos grãos foram determinadas quantitativamente pela coloração dos grãos (L^* : varia do preto ao branco, a^* : analisa do verde ao vermelho e b^* avalia do azul ao amarelo), massa de 100 grãos, dimensões dos grãos (comprimento, largura e espessura) e características relacionadas ao cozimento (grãos normais, absorção e tempo de cozimento). Duas avaliações qualitativas também foram realizadas: forma e grau de achatamento dos grãos. Efeitos significativos de genótipo, de tipo de grão e de interação genótipo x ambiente foram obtidos para todas as características físicas dos grãos, mostrando que há variabilidade genética. As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 79,55% da variação total, sendo que o valor de L^* (1,00) e de a^* (0,85) foram as duas características de maior importância na diferenciação entre as cultivares de feijão. Na análise de variáveis canônicas foram formados quatro grupos. O grupo 1 foi constituído pelas cultivares de feijão preto (menores valores de L^* e a^*): BRS Esteio, Guapo Brilhante, IAC Netuno, BRS Campeiro, Macanudo e IPR Tiziu. O grupo 2 foi composto pelas cultivares de feijão vermelho (valor intermediário de L^* e alto de a^*): BRS Embaixador, Ouro Vermelho, Amendoim Comprido, Light Red Kidney, BRS Pitanga e Vermelho Graúdo. O grupo 3 reuniu predominantemente as cultivares de feijão carioca (valor alto de L^* e baixo de a^*): Pérola, IAC Imperador, BRS Executivo, SCS 205 Riqueza, IPR Siriri e BRSMG Madrepérola. O grupo 4 foi formado pela cultivares de feijão rajado (valor alto de L^* e intermediário de a^*): BRS Radiante, Irai, Hooter e BRSMG Realce. Os valores de L^* e a^* permitem reunir cultivares de feijão semelhantes para a claridade e a tonalidade vermelha dos grãos em um mesmo grupo. Todavia, o agrupamento realizado por variáveis canônicas se mostra pouco informativo em relação as demais características físicas dos grãos que diferenciam cultivares de feijão.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; variáveis canônicas.

Agradecimentos: CNPq.



CULTIVARES BRASILEIRAS DE FEIJÃO COMUM: DIVERSIDADE GENÉTICA E DIFERENCIAÇÃO POPULACIONAL ENTRE AS PRINCIPAIS CLASSES COMERCIAIS

Caléo Panhoca de Almeida^{1*}; Jean Fausto de Carvalho Paulino¹; Monica Rodriguez²; Roberto Papa³; Qijian Song⁴; Sérgio Augusto Morais Carbonell¹; Alisson Fernando Chiorato¹; Luciana Lasry Bechimol-Reis¹

¹ Instituto Agrônomo (IAC) *caléoalmeida@hotmail.com

² Università degli Studi di Sassari – Itália

³ Università Politecnica de Marche – Itália

⁴ USDA-ARS, Soybean Genomics and Improvement Lab – EUA

Os programas de melhoramento do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) exploram uma pequena porcentagem da variabilidade total da cultura, seja pela falta de informação quanto a diversidade genética (DG), ou pela dificuldade em se utilizar acessos não comerciais. O uso de genitores aparentados no processo de obtenção de novas cultivares acarreta a diminuição da base genética e perda de diversidade genética. A estratégia mais eficiente para solucionar o problema e garantir o incremento da variabilidade das futuras cultivares é a caracterização da DG e da estruturação genética populacional (EG) dos acessos disponíveis no mercado. Tais informações possibilitam ao melhorista explorarem estrategicamente os acessos avaliados, visando a seleção de genitores, não apenas com base nas informações morfológicas e agrônômicas, mas também genômicas. Nesse sentido, o presente estudo visou avaliar a DG e a EG das principais cultivares de feijão brasileiro, lançadas entre 1963 e 2018. O conjunto foi dividido em três grupos (Carioca, Preto e Especial) para investigação da diferenciação genética quanto a classe comercial do grão. Os acessos foram genotipados com 6.000 SNPs (BARCBean6K), os quais foram utilizados para a análise de EG através do software STRUCTURE e para a diferenciação genética através da Análise Discriminante de Componentes Principais (DAPC). Também foram estimados os parâmetros de DG: riqueza alélica, heterozigosidade esperada não viesada e *Shannon's Information Index*. Os resultados evidenciaram o predomínio de acessos mesoamericanos no conjunto, e revelaram que o grupo Especial, composto por feijões com cores variadas de tegumento, foi o que apresentou o maior número de acessos andinos e o maior grau de DG para todos os parâmetros. O grupo Carioca apresentou o menor grau de DG e o grupo Preto apresentou EG bem definida para todos os K avaliados. A análise DAPC evidenciou que a diferenciação genética entre as classes comerciais são de moderada a baixa, com sobreposição de alguns acessos entre os grupos. Visando a preservação da diversidade genética da cultura, os resultados deixam claro que os acessos do grupo feijão Especial são os mais promissores para serem explorados como fonte de variabilidade genética, principalmente para a composição de novas cultivares de feijão Carioca.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; Carioca; Melhoramento.

Agradecimentos: FAPESP; 2018/08582-2; 2019/19670-2.



ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA COR E ESCURECIMENTO DO TEGUMENTO DO GRÃO DE FEIJÃO CARIOCA

Isabella Laporte Santos¹; Caléo Panhoca de Almeida¹; Jean Fausto de Carvalho Paulino¹; Cassia Cristina Augusto Pereira; Sérgio Augusto Moraes Carbonell¹; Cássia Regina Limonta Carvalho¹; Alisson Fernando Chiorato¹; Luciana Lasry Bechimol-Reis^{1*}

¹Instituto Agronômico (IAC). *luciana.reis@sp.gov.br

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de grande valor socioeconômico, visto que é um alimento produzido em larga escala e utilizado como fonte de energia e proteína para a população. O grupo comercial carioca tem alta demanda no mercado e o conhecimento da variabilidade que rege a coloração e o escurecimento deste tipo de grão é de extrema importância. Esse estudo objetivou a elaboração de um painel de diversidade de grãos carioca pertencentes ao banco de germoplasma do Instituto Agronômico (IAC), a avaliação da variabilidade genética e da expressão fenotípica em função do tempo através da metodologia de escurecimento prolongado e a verificação de regiões genômicas importantes que regulam a cor e o escurecimento de grãos de feijão carioca através da ferramenta de associação genômica ampla (GWAS). Um painel com 132 genótipos de feijão carioca foi avaliado para os caracteres cor e escurecimento, nos tempos: 0, 30, 60 e 90 dias de prateleira. Os DNAs foram extraídos e a genotipagem ocorreu com o uso de 6.000 SNPs obtidos pelo BeadChip BARCBean6K_3 da Illumina, além de 50 marcadores microssatélites. Pelo teste de médias de Scott-Knott, observou-se a necessidade da utilização combinada de todos os parâmetros (L^* , a^* , b^* e ΔE) envolvidos na escolha de genótipos claros com tolerância ao escurecimento. Nas análises de GWAS, utilizaram-se 2.180 SNPs e 7 SSRs distribuídos ao longo dos 11 cromossomos de feijão. Esta análise foi realizada com o modelo FARMCPU do pacote GAPIT com um *threshold* definido por 300 permutações. No total, 17 SNPs significativos foram associados à característica de cor do tegumento logo após a colheita e 3 genes candidatos foram encontrados. Em relação ao escurecimento do tegumento do grão, 7 marcadores significativos foram associados à característica e 15 genes candidatos encontrados. O microssatélite Pvsd-1157 se mostrou informativo para discriminar grãos de escurecimento lento em relação a grãos de escurecimento normal, podendo ser uma importante ferramenta para seleção assistida por marcadores em programas de melhoramento do feijoeiro.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L; SNP; GWAS.

Agradecimentos: FAPESP 2017/24711-4; Capes.



DESENVOLVIMENTO DE JEQUITIBÁ-ROSA (*Cariniana legalis* M.) E IPÊ-FELPUDO (*Zeyheria tuberculosa* V.) EM POMAR DE RECOMBINAÇÃO INDOOR

Marlon dos Santos Pereira Birindiba Garuzzo^{1*}; Andrei Caíque Pires Nunes²;
Ândrea Carla Dalmolin³; Aline Pinto dos Santos⁴; Felipe Garbelini Marques⁵

¹²³Universidade Federal do Sul da Bahia – UFSB. ⁴Universidade Estadual de Santa Cruz – UESC. ⁵ Symbiosis Investimentos e Participações *marlongaruzzo@gmail.com

As espécies arbóreas nativas do Brasil, Jequitibá-rosa e Ipê-Felpudo, apresentam alto potencial para introdução em plantios silviculturais destinados a produção madeireira. O objetivo do estudo foi avaliar a taxa de pegamento da enxertia e o desenvolvimento vegetativo de plantas enxertadas de *C. legalis* e *Z. tuberculosa* em pomar de recombinação indoor. Os genótipos avaliados no experimento foram oriundos de testes de progênies instalados na empresa Symbiosis, no distrito de Trancoso - Bahia. Foram selecionados 9 melhores indivíduos da espécie *C. legalis* e 10 da *Z. tuberculosa*, via análise genética no Software Selegen. Estes genótipos foram reproduzidos por meio da enxertia em pomar indoor, usando-se a técnica de garfagem de topo. A primeira medição de diâmetros de enxerto e porta-enxerto foi feita no dia da enxertia. A taxa de pegamento foi contabilizada 60 dias após a enxertia. A avaliação final de diâmetros e medição da altura de plantas foi realizada 320 dias após a execução da enxertia para *C. legalis* e aos 215 dias para *Z. tuberculosa*. As medidas das avaliações de diâmetro foram realizadas com auxílio de um paquímetro digital e da altura e copa com fita métrica. A partir dos dados coletados foi realizada uma análise estatística descritiva do desenvolvimento dos enxertos via Software R. As taxas médias de pegamento para *C. legalis* (50%) e *Z. tuberculosa* (51%) indicam a possibilidade de utilização da enxertia para reprodução dessas espécies em pomar para recombinações artificiais controladas. Os resultados de valores médios iniciais de diâmetro do porta-enxerto (13,00 mm) e do enxerto (8,66 mm) de *C. legalis* comparado aos valores médios obtidos ao final da avaliação (15,36-12,84 mm), demonstram um crescimento em diâmetro de 18,12% e 48,27%, respectivamente. Na avaliação da espécie *Z. tuberculosa*, ao comparar os valores médios iniciais obtidos para diâmetro do porta-enxerto (15,75 mm) e do enxerto (12,79 mm), com os resultados da avaliação final (16,13-13,31 mm), verificou-se um crescimento em diâmetro de 2,40% e 4,14%, respectivamente. As plantas enxertadas de *C. legalis* e *Z. tuberculosa* alcançaram as alturas médias de 1,31 m e 0,75 m, com diâmetros de copa médios no sentido norte-sul de 1,01 m e 0,66 m, e no sentido leste-oeste de 1,11 m e 0,70 m, respectivamente. As espécies estudadas apresentam desenvolvimento vegetativo adequado em pomar de recombinação indoor e os genótipos enxertados serão utilizados para confecção de cruzamentos controlados.

Palavras-chave: Sementes melhoradas; Enxertia; Espécies nativas.



CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E RENDIMENTO DE POLPA DE *Annona squamosa* L. DO SUDOESTE BAIANO

Luã Gabriel Santos Barreto^{1*}; Jaqueline Alves Rocha¹; Carolaine Teles Pereira¹; Alcebíades Rebouças São José¹; Adriana Dias Cardoso¹

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. *luangsb@gmail.com.

O conhecimento da correlação entre caracteres, nos programas de melhoramento genético, é importante quando se deseja fazer seleção simultânea de caracteres ou seleção indireta, principalmente quando o caráter de interesse apresenta baixa herdabilidade, problemas de medição ou de identificação. Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi analisar a correlação entre características do fruto de pinheira, visando nortear o melhoramento genético na obtenção de frutos com maior rendimento de polpa. Foram utilizados frutos de três áreas de produção do Sudoeste baiano, sendo elas Candiba, Tanhaçu e Aracatu. As avaliações foram realizadas no Laboratório Biofábrica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia *campus* Vitória da Conquista-BA. Os caracteres avaliados foram: a) comprimento e largura do fruto (mm), com auxílio de um paquímetro digital com precisão de 0,05 mm; b) massa total do fruto (g), feita a pesagem individual em uma balança semi-analítica com precisão de 0,05 g; c) rendimentos da casca, sementes e polpa (g), em balança semi-analítica com precisão de 0,05 g; d) espessura da casca (mm), foram feitas cinco leituras por fruto obtidas com auxílio de um paquímetro digital com precisão de 0,05 mm. A análise estatística foi realizada utilizando-se a correlação de Pearson ao nível de 5% de probabilidade com auxílio do *software* SAEG versão 9.1. Verificaram-se correlações significativas entre a maioria das características do fruto de pinheira. A largura do fruto apresentou maior correlação com o peso do fruto do que com o comprimento, embora a diferença tenha sido pequena. Essas correlações são importantes, pois indicam que a seleção de plantas com frutos pesados poderá ser feita a partir da medição do diâmetro dos frutos, ainda no campo, sem necessidade de pesá-los, o que pode facilitar muito os trabalhos de seleção. O fator de maior correlação foi massa do fruto com massa de polpa (0,91), mostrando que para ter um melhor rendimento de polpa, pode ser feita a seleção de frutos de maior massa. Entretanto, houve também correlação negativa significativa para espessura de casca com massa de polpa e massa de semente, confirmando que quanto maior a espessura da casca, menor qualidade terá o fruto, visto que a produção de pinha visa maior massa de polpa e sementes vigorosas. Com isso, a seleção dos frutos com maior largura possibilita a obtenção de pinhas mais pesados e com maior rendimento de polpa, uma vez que a largura tem maior efeito direto sobre o peso e rendimento da polpa que também pode ser selecionado indiretamente, com base na menor espessura da casca.

Palavras-chave: Fruteira, Melhoramento genético, Seleção.



GANHOS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-FAVA

Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho^{1*}; Raimunda Vieira de Pinho¹; Guilherme Alexandre Luz da Costa¹; Carlos Misael Bezerra de Sousa¹; Verônica Brito da Silva¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *jhessica.lanna@hotmail.com

O estudo de estratégias de seleção em feijão-fava e a busca por genótipos superiores é um dos grandes desafios do melhoramento de plantas. O uso de índices de seleção auxilia na identificação destes genótipos e os modelos mistos permitem estimar componentes de variância e prever valores genéticos via máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor preditor linear não viciado (BLUP), respectivamente. Diante disso, objetivou-se comparar os índices de seleção, via modelos mistos, e identificar a estratégia mais eficiente na seleção de progênies $F_{4:5}$ de feijão-fava. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia, CCA/UFPI, de agosto a julho de 2019 e 2020. Foram avaliadas seis progênies de porte determinado. Uma amostra de 1440 sementes foi retirada da população, para originar a geração seguinte F_4 , semeadas e avançadas pelo método *bulk*, conduzidas no delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres avaliados foram: número de vagens por planta, comprimento, largura e espessura da vagem, números de lóculos por vagem, sementes por vagem, comprimento, largura e espessura da semente. Foram estimados análise de Deviance, os parâmetros e os ganhos genéticos foram preditos pelos índices Multiplicativo, Mulamba e Mock e índice Aditivo. Observou-se diferenças para os caracteres comprimento de vagem e número de sementes por vagem, indicando presença de variabilidade genética entre as progênies avaliadas, o que possibilita o sucesso na seleção de genótipos superiores. Para a herdabilidade em progênies $F_{4:5}$ de feijão-fava verificaram-se magnitudes moderadas e elevadas. Os valores de acurácia variaram de alto em número de vagem por planta, comprimento de vagem e sementes por vagem, no entanto, foram baixos em espessura de vagem, largura e espessura de semente. Para as estimativas do coeficiente de variação experimental, número de vagem por planta obteve 48,36% e o número de sementes por vagem foi de 6,44%. Pela avaliação dos índices de seleção via REML/BLUP, observou-se que os maiores ganhos em porcentagem foram para a progênie 81(103,65%) para o índice Multiplicativo e a progênie 46 (65,79%) para o índice Mulamba e Mock indicando superioridade em relação às demais progênies em todos os caracteres avaliados. Conclui-se que o índice Multiplicativo apresenta melhores ganhos de seleção para todas as progênies de feijão-fava, destacando as progênies 81 e 46 em ambos os índices de seleção via modelos mistos.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L.; índice de seleção; REML/BLUP.

Agradecimentos: UFPI e CNPq.



RESPOSTA DAS CULTIVARES DE GERGELIM SUBMETIDAS À DOSES DE NITROGÊNIO NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

José Artur Silva^{1*}; Lindomar Maria da Silveira¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹; Manoel Galdino dos Santos¹; Michele Barboza¹; Francisco Adênio Teixeira Alves¹; Gisele Lopes dos Santos¹; Flávio Pereira da Mota Silveira²

Universidade Federal Rural do Semi-Árido¹; *josesilvauz197@gmail.com;
Universidade Federal do Rio Grande do Norte²

O nitrogênio é considerado elemento essencial para as plantas, pois faz parte da composição de biomoléculas. O nitrogênio por ser responsável por importantes funções do metabolismo e na nutrição da cultura é um dos nutrientes que mais limitam a produção do gergelim, podendo apresentar resposta diferenciada quando considerados genótipos diferentes. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar a resposta de cultivares de gergelim submetido à adubação nitrogenada no Semiárido brasileiro. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Rafael Fernandes, pertencente à Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, no período de fevereiro a maio de 2016. O delineamento experimental foi em blocos completos casualizados com quatro repetições em esquema de parcelas subdivididas, sendo alocadas nas parcelas cinco doses de nitrogênio (0, 30, 60, 90 e 120 kg ha⁻¹), e nas subparcelas as quatro cultivares de gergelim (CNPA G2, CNPA G3, CNPA G4 e BRS Seda). As variáveis agrônomicas avaliadas foram: altura de plantas, diâmetro do caule, número de folhas por planta, número de cápsulas por planta. Com relação à análise fisiológica foram avaliadas fotossíntese líquida (An, $\mu\text{mol.m}^{-2}.\text{s}^{-1}$) com a utilização do Infra Red Gas Analyser – IRGA, modelo LI-6400, da Li-Cor, e a clorofila com o auxílio do clorofilômetro Opti-Sciences CCM-200 (Chlorophyll Center Index – CCI). Em relação às características agrônomicas, verificou-se, que o aumento das doses de nitrogênio, independente das cultivares estudadas, resultou em melhores resultados. Os valores máximos de altura, diâmetro do caule, número de folhas, número de cápsulas foram obtidas na dose de 120 kg ha⁻¹ nitrogênio estudada. A cultivar CNPA G3 teve o maior desempenho agrônômico. A maior taxa fotossintética líquida para cultivar CNPA G3 e CNPA G4 foram obtidas na dose de 120 kg ha⁻¹, já para CNPA G2 e BRS SEDA foram obtidas nas doses de 73,05 kg ha⁻¹ e 96,56 kg ha⁻¹, respectivamente. Com relação a concentração de clorofila teve o mesmo comportamento para todas as cultivares estudadas, sendo que a medida que se elevou a quantidade de nitrogênio aplicada se aumentou a concentração de clorofila nas folhas.

Palavras-chave: *Sesamum indicum*. Clorofila. Fotossíntese líquida.

Agradecimentos: CNPq; CAPES; UFERSA; PPGFITO; EMBRAPA.



CRESCIMENTO DE CULTIVARES DE MANDIOCA DE MESA EM FUNÇÃO DA ADUBAÇÃO FOSFATADA

José Artur Silva¹; Lindomar Maria da Silveira¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹; Flávio Pereira da Mota Silveira²; Pedro Ramon Holanda de Oliveira¹; Welder de Araújo Rangel Lopes¹; Silvana Fraga da Silva¹; Alex Lima Monteiro¹

Universidade Federal Rural do Semi-Árido¹; *josesilvauz197@gmail.com
Universidade Federal do Rio Grande do Norte²

O fósforo (P) é um nutriente que promove aumento na biomassa aérea e no rendimento de raízes de mandioca. Sua absorção pela cultura ocorre em função da disponibilidade no solo e da cultivar utilizada, uma vez que os genótipos apresentam diferentes capacidades de absorção e uso do P. Diante disso, objetivou-se avaliar parâmetros de desempenho agrônomo de cultivares de mandioca de mesa adubadas com doses de P, no Semiárido brasileiro. A pesquisa foi conduzida na Fazenda Experimental Rafael Fernandes, Mossoró, RN, Brasil, no período de junho/2019 a abril/2020. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, arranjos em parcelas subdivididas, com 4 repetições. Nas parcelas foram aplicadas as doses de fósforo (0, 60, 120, 180 e 240 kg P₂O₅ ha⁻¹), e nas subparcelas, as cultivares de mandioca de mesa (Água Morna, BRS Gema de Ovo, Recife e Venâncio). Foram avaliadas: altura da 1ª ramificação, diâmetro de caule e número de raiz comercial. As doses de P influenciaram a altura da 1ª ramificação para a cultivar Água Morna alcançando comprimento máximo estimado de 1,34 m. com a dose de 240 kg ha⁻¹ de P₂O₅. As cultivares BRS Gema de Ovo, Recife e Venâncio não apresentaram efeito significativo para as doses de fósforo, obtendo-se médias de 0,66 m, 0,91 m e 0,66 m, respectivamente. Isso demonstra que essa é uma característica que, intrinsecamente varia entre as cultivares e poderá ou não, sofrer influência do P. Para o diâmetro de caule, os maiores valores estimados 38,05 mm (BRS Gema de Ovo), 38,04 mm (Recife), 35,70 mm (Venâncio) e 30,62 mm (Água Morna) foram obtidos com as doses de 136,33, 120,00, 139,42 e 95,09 kg ha⁻¹ de P₂O₅. Assim como para altura da 1ª ramificação, diâmetro de caule sofre influência da cultivar, mas também refletiu efeito da aplicação do fósforo, provavelmente relacionada a capacidade dreno do caule de acumular maior ou menor fotoassimilados com o aumento das doses de fósforo. As doses de fósforo não promoveram diferenças para o número de raiz comercial. As diferenças ocorreram em função do efeito da cultivar. A cultivar Água Morna obteve maior média para número de raiz comercial (5,56), enquanto a cultivar Venâncio obteve o menor número de raiz comercial por planta entre as cultivares avaliadas (3,44). Os efeitos vegetais que influenciam no número de raiz de mandioca não são bem definidos. Há uma tendência de que as variações nesse parâmetro ocorrem por fatores genéticos de cada cultivar.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; Desenvolvimento vegetativo; Nutrição de planta.

Agradecimentos: CAPES; UFRSA; EMBRAPA.



CLASSIFICAÇÃO MORFOLÓGICA DE EMBRIÕES EM SEMENTES DE DIPLOIDES DE BANANEIRA

Naiala da Hora Góes^{1*}; Taíse Conceição Rodrigues²; Manassés dos Santos Silva³; Fabiana Ferraz Aud⁴; Janay Almeida dos Santos-Serejo⁴; Edson Perito Amorim⁴

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia ²Universidade Federal de Sergipe;

³Universidade Estadual de Feira de Santana. ⁴Embrapa Mandioca e Fruticultura. *E-mail do autor apresentador (goesdahora@gmail.com)

A hibridização entre cultivares comerciais triploides de bananeira e diploides selvagens ou melhorados resulta muitas vezes em baixa produção de sementes, as quais podem não germinar devido à ocorrência de anormalidades na sua formação. A fim de se garantir uma maior percentagem de germinação das sementes obtidas em cruzamentos controlados, tem sido utilizada a técnica de resgate de embriões, ou seja, excisão e cultivo *in vitro* de embriões. A classificação das sementes quanto ao seu desenvolvimento é importante para pré-selecionar as sementes, descartando-se as que não apresentam embriões normais, antes do cultivo *in vitro*. O objetivo desse estudo foi realizar, por meio da técnica de resgate de embriões, a classificação quanto à normalidade/anormalidade de embriões em sementes de bananeira. Foram utilizadas sementes de frutos amadurecidos naturalmente de cachos de quatro genótipos diploides de bananeira: dois diploides melhorados 041040 e 124093, e dois diploides selvagens Calcutta 4 e NBA-14, oriundas de polinizações abertas. As sementes foram abertas realizando um corte longitudinal para a retirada do embrião. Sendo descartados o endosperma e tegumento. Os embriões foram classificados quanto à normalidade/anormalidade, de acordo com a escala de classificação. Foram utilizadas 500 sementes por genótipo para realizar a classificação das sementes. Foi possível observar a presença de sementes com embriões normais para os genótipos analisados: 476 (NBA-14), 462 (Calcutta 4), 324 (124093) e 331 (041040); e embriões anormais com 13, 14, 98 e 94, respectivamente, sendo que as sementes restantes não apresentaram embriões. Constatou-se que do total de embriões anormais observados, o genótipo que apresentou maior diversidade de anomalias foi o 041040, com maior frequência para presença de embrião com base ausente (45), embrião com base e ápice deformado (25) e embrião oxidado (19). Os diploides selvagens apresentaram baixa taxa de anomalias, com destaque para embrião normal de tamanho reduzido e embrião com base ausente. A elevada frequência de sementes normais revela o alto nível de fertilidade feminina nos diploides analisados.

Palavras-chave: Hibridização; Melhoramento; *Musa* spp.

Agradecimentos: À Embrapa Mandioca e Fruticultura e a CAPES.



NOVA FONTE DE RESISTÊNCIA GENÉTICA À ANTRACNOSE IDENTIFICADA DA VARIEDADE DE FEIJÃO CARIOCA

Caléo Panhoca de Almeida^{1*}; Jean Fausto de Carvalho Paulino¹; Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves¹; Qijian Song²; Sérgio Augusto Morais Carbonell¹; Alisson Fernando Chiorato¹; Luciana Lasry Bechimol-Reis¹

¹ Instituto Agrônomo (IAC) *caléoalmeida@hotmail.com

² USDA-ARS, Soybean Genomics and Improvement Lab, EUA

A antracnose (ANT), causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus) Briosi & Cavara, é uma das mais importantes doenças do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) uma vez que a sua incidência ocorre em mais de 60 países e pode acarretar a perda de até 100% da produção. O desenvolvimento de cultivares de feijão carioca com resistência duradoura a doença é a solução mais econômica, eficiente e ambientalmente correta, pois dispensa o uso intensivo de defensivos agrícolas, garantindo ao produtor maior rendimento econômico e ao meio ambiente a menor contaminação. Nesse sentido, visando a identificação de novos *loci* de resistência à ANT, foi realizada a análise de associação genômica ampla (GWAS) utilizando um painel de diversidade carioca, previamente validado para estudos de mapeamento associativo. O conjunto foi genotipado por BeadChip contendo 6.000 SNPs (BARCBean6K) e avaliado fenotipicamente para três raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* de alta incidência no país (raças 65, 81 e 321). Os valores genotípicos dos acessos foram estimados pelo modelo *REML/BLUE*, e para o modelo de associação foi adotado *FarmCPU* com *threshold* definido por 1.000 permutações. O resultado do mapeamento revelou dois marcadores significativos para o isolado 65, ambos em LD (*Linkage Disequilibrium*) na posição 28 Mb do cromossomo Pv02 (ANT2.1⁶⁵). Um segundo QTN (*Quantitative Trait Nucleotide*), significativo para o isolado 81, foi identificado na posição 41 Mb (ANT2.1⁸¹). Outros três QTNs foram identificados para o mesmo isolado, o ANT1.1⁸¹ no Pv01 (Mb), o ANT4.1⁸¹ no Pv04 e o ANT7.1⁸¹ no Pv07. Curiosamente, o mesmo QTN do Pv04 associado ao isolado 81 foi mapeado como o único significativo para o isolado 321 (ANT4.1³²¹). Na mesma região do QTN em questão, está localizado o gene R Phvul.004G005600 (*LEUCINE-RICH REPEAT-CONTAINING PROTEIN*), o qual apresentou-se como o mais promissor para o processo de melhoramento genético, uma vez que o mesmo está associado a mais de um isolado de alta patogenicidade. O marcador SNP ss715642306 significativo para o ANT4.1⁸¹ e ANT³²¹ poderá ser utilizado em estudos futuros de validação visando o desenvolvimento e uso de marcadores moleculares para a seleção assistida e piramidação de *locus* de resistência em novas cultivares comerciais de feijão.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; GWAS; *Colletotrichum lindemuthianum*.

Agradecimentos: FAPESP 2019/19670-2 e 2017/24711-4.



VARIAÇÃO GENÉTICA EM TESTE DE PROGÊNIE E PROCEDÊNCIA DE *Dipteryx alata* Vog. (FABACEAE) PARA CARACTERES DE CRESCIMENTO

T.S. Santos¹, K. Martins¹, A.V. Aguiar², M.J. Baptista Filho¹, J.A.R. Machado³,
M.L.M. Freitas³

¹Universidade Federal de São Carlos, Rod. João Leme dos Santos, KM 110, Sorocaba-SP, 18052-780. ²EMBRAPA Florestas, Curitiba - PR. ³Instituto Florestal, Caixa Postal 17076, Rua do Horto 931, CEP 02340-970, São Paulo, SP, Brasil. Tainara_1998SantosSilva@outlook.com

O baru (*Dipteryx alata* Vog.) apresenta excelente potencial econômico devido sua madeira de alta durabilidade e mais atualmente pelos seus frutos, sementes e óleos, mas se encontra ameaçado pela degradação do bioma em que ocorre, o Cerrado brasileiro. Portanto, nosso objetivo foi estimar a variação genética entre e dentro de progênies de quatro procedências de *Dipteryx alata* Vog., como também fornecer subsídios para programas de melhoramento e conservação ex situ da espécie, analisando caracteres silviculturais em um teste de progênie e procedência aos 37 anos de idade na Floresta Estadual de Pedernheiras, São Paulo, Brasil. Para tanto, foram analisadas sobrevivência, altura total (TH), altura comercial (CH), diâmetro à altura do peito (DAP), bifurcação (BIF), tortuosidade (TORT) no teste de progênies e procedências plantado em 1997. O teste é composto pelas procedências e progênies de Aquidauana, Campo Grande, Goiânia e Iaciara plantadas em delineamento de blocos completos casualizados, utilizando a metodologia REML/BLUP. Efeito de procedência significativo foi obtido para todas os caracteres avaliados, exceto para bifurcação. Observamos pouca variação genética entre progênies para os caracteres fenotípicos. As estimativas de herdabilidade individual de sentido restrito foram de baixa magnitude para todas as características (de 0,08 a 0,029). Correlações genéticas e fenotípicas positivas moderadas foram encontradas entre DAP e BIF, DAP e TORT, e BIF e TORT ($0,5 \leq r < 0,8$). Onze grupos foram formados com base na distância genética de Mahalanobis, com 83,08% das progênies alocadas em um grupo. Recomenda-se a polinização controlada entre indivíduos pertencentes a diferentes grupos para aumento da variabilidade genética. O teste apresenta baixa variabilidade genética indicando baixo ganho genético com a seleção e a necessidade de enriquecimento dessa coleção ativa de germoplasma com acessos procedentes de outras regiões de ocorrência natural da espécie, plantios ou outros testes.

Palavras-chave: Cerrado; Baru; Parâmetros genéticos.

Agradecimentos: Agradecemos ao CNPq pela bolsa de iniciação científica a MJBF.



POTENCIAL DE SELEÇÃO PRECOCE EM UM TESTE DE PROGÊNIE DE *Myracrodruon urundeuva* AVALIADO EM TRÊS IDADES

T.S. SANTOS¹, D.F. ZULIAN², M.A. MORAES²; J. CAMBUIM³; K. MARTINS¹; M.L.T. MORAES².

¹Engenharia Florestal, Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, SP.

²Engenharia Florestal, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Unesp, Ilha Solteira, SP. ³Doutor em Agronomia, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Unesp. Tainara_1998SantosSilva@outlook.com

Myracrodruon urundeuva (Anacardiaceae), com ocorrência natural desde o Ceará até o chaco argentino, conhecida como aroeira verdadeira ou aroeira preta é considerada madeira de lei e classificada como espécie ameaçada. Um teste de progênies puro da espécie, a partir de sementes colhidas em setembro de 1996 na Estação Ecológica do Instituto Florestal em Paulo de Faria – SP, foi plantado em 1997 na fazenda da Faculdade de Engenharia no Campus de Ilha Solteira (FEIS/UNESP), em Selvíria – MS. O teste foi recentemente diagnosticado com severos danos no tronco, apresentando sintomatologias de apodrecimento do fuste e presença de mortalidade sob suspeita de contaminação por fungo até o momento não identificado. O teste é um plantio puro composto por 30 progênies, plantado em um espaçamento de 3 x 1,5 m. Com base nos dados de diâmetro à altura do peito e sobrevivência, o presente trabalho teve por objetivo avaliar a correlação entre três idades quanto a estabilidade do teste em meio à perturbação com a crescente mortalidade ocasionada por fungo. As medições de diâmetro e sobrevivência foram feitas nas idades de 11, 16 e 22 anos. Para diâmetro, as análises de variância mostraram valores significativos em nível de 1% entre as progênies nas avaliações das três idades e a variância aditiva não teve mudança significativa ao longo do tempo. A herdabilidade individual no sentido restrito (aditiva) não variou significativamente ao longo dos anos e foi baixa (variando de 0,08 a 0,11), o coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies variou entre os anos de mediano (0,32) a relativamente alto (0,44), e o coeficiente de repetibilidade foi médio ($0,34 \pm 0,03$), tendo-se uma forte correlação entre anos, o que indica que a seleção precoce com base em diâmetro teria resultado no mesmo ganho genético que uma seleção tardia. Já para variável sobrevivência, os percentuais de sobrevivência das diferentes idades de 11, 16 e 22 anos de avaliação do teste foram de 95%, 92% e 86% respectivamente, considerados ainda altos devido à adaptabilidade da espécie. As análises de variância mostraram valores significativos em nível de 1% de probabilidade pelo teste *F* entre as progênies nas avaliações das três idades para sobrevivência. A variância aditiva variou pouco com a idade, a variância ambiental variou entre os anos demonstrando que a progressão da doença tem tido grande efeito em aumentar a variância entre parcelas. A herdabilidade individual no sentido restrito (aditiva) teve um grande aumento (0,002 para 0,22) e a repetibilidade individual do teste de progênies para variável sobrevivência foi considerada baixa ($r = 0,20 \pm 0,02$), indicando que não seria vantajoso nesse experimento fazer a seleção precoce de indivíduos geneticamente superiores com base na sobrevivência.

Palavras-chave: Aroeira, Repetibilidade, Fungo.

Agradecimentos: Agradecemos ao Grupo de Pesquisa de melhoramento Florestal da Unesp de Ilha Solteira pelo fornecimento de dados de medições anteriores.



PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE FEIJÃO-FAVA

Verônica Brito da Silva^{1*}; Raimunda Vieira de Pinho¹; Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho¹; Guilherme Alexandre Luz da Costa¹; Carlos Misael Bezerra de Sousa¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *verabritosl@hotmail.com

O feijão-fava ainda é visto como uma cultura de subsistência ou como alternativa de complemento da renda familiar. A baixa produção anual da cultura se dá por diversos fatores, entre eles: o material cultivado ser desuniforme, pouco produtivo e pouco valorizado e principalmente pela inexistência de variedades melhoradas no Brasil. Contudo, tem-se buscado metodologias mais eficientes de seleção, a fim de obter maiores ganhos genéticos em feijão-fava. Com base no exposto, objetivou-se com o presente estudo, prever os ganhos genéticos com a seleção das melhores progênies e com a seleção dos melhores indivíduos dentro de progênies de feijão-fava. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia, UFPI, de fevereiro a agosto de 2020. Foram avaliadas seis progênies de porte determinado em geração F₄, conduzidas em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres avaliados foram: número de vagens por planta, comprimento, largura, espessura, número de lóculos e número de sementes por vagem, comprimento, largura e espessura da semente. Foram preditos os ganhos genéticos para fins de seleção das melhores famílias e indivíduos (anteriormente foram estimados os parâmetros genéticos dessas famílias). Foi utilizado o programa Selegen-REML/BLUP. Considerando os ganhos preditos, as melhores famílias de progênies foram: 81 para comprimento de vagem, comprimento de semente, largura de semente e número de vagens por planta, com ganhos de 3,92%, 0,062%, 0,0018% e 14,31%, respectivamente. A progênie 46 se destacou para os caracteres largura de vagem (0,85%), número de lóculos por vagem (0,053), sementes por vagem (0,1637) e espessura de semente (0,0028). Na seleção individual para o caráter largura de vagem destacou-se a família de progênie 46 para todas as plantas com destaque para o indivíduo 24. Quanto a número de lóculos por planta, sementes por vagem e espessura de semente, as 10 plantas que se destacaram foram as da progênie 46. Concluindo que seleção das melhores progênies mostrou-se eficiente, resultando em ganho de seleção para as famílias e indivíduos das progênies 81 e 46 em feijão-fava. Pode-se diante disso, fazer uma seleção dos melhores genótipos para próxima geração ou pode-se fazer a seleção dos 10 indivíduos de cada característica com os maiores valores genotípicos para o feijão-fava. Fazendo essa seleção de indivíduos, o melhorista garante para a próxima geração uma notada variabilidade genética, pois há uma chance de todas as progênies serem representadas.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; seleção entre e dentro; progênies F₄.

Agradecimentos: CNPq/UFPI, UFPI



ESOM APLICADOS AO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE UVA DE MESA DO BANCO DE GERMOPLASMA DE VIDEIRA DA EMBRAPA SEMIÁRIDO

Raphael Miller de Souza Caldas^{1*}; Marcos Andrei Custodio da Cunha²; Nina Iris Verslype³; Rosimar dos Santos Musser³; André Câmara Alves do Nascimento³; Patrícia Coelho de Souza Leão⁴

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco. ² Universidade de Pernambuco. ³ Universidade Federal Rural de Pernambuco. ³ Universidade Federal Rural de Pernambuco. ³ Universidade Federal Rural de Pernambuco. ⁴ Embrapa Semiárido. *raphaelmillers@gmail.com

O crescimento da população e da renda per capita provocam o aumento da demanda por uvas e por todos os seus produtos derivados. Cultivares com maior rendimento, mais resilientes à pragas, doenças e estresses ambientais, que apresentem características agronômicas desejáveis para o mercado, são procuradas pelos produtores. O Banco de Germoplasma de Videira da Embrapa Semiárido se destaca por ser o único da região Nordeste do país, constituindo-se em um recurso estratégico fundamental para a sustentabilidade da vitivinicultura tropical no Vale do São Francisco. O desafio do melhoramento genético da videira é encontrar maneiras de introduzir efetivamente novos caracteres desejáveis sem abrir mão de muitas características já existentes que os produtores também valorizam, de modo que seja rentável adotar novas cultivares. Recentemente, técnicas de machine learning e inteligência artificial tem sido aplicadas a diversas etapas de programas de melhoramento genético de plantas. Estudos de diversidade genética tem sido fundamentais para o desenvolvimento desses programas, pois permitem o aumento da probabilidade de obtenção de híbridos superiores em culturas que se beneficiam do fenômeno da heterose, como a videira, e a formação de grupos heteróticos. O objetivo deste trabalho foi utilizar o algoritmo ESOM (Emergent Self-Organizing Maps) para a formação de grupos heteróticos de acessos de uva de mesa do Banco Ativo de Germoplasma de Videira da Embrapa Semiárido. Foram avaliados 12 caracteres quantitativos (produção, número de cachos, peso do cacho, largura do cacho, comprimento do cacho, peso da baga, largura da baga, comprimento da baga, diâmetro da baga, teor de sólidos solúveis, acidez titulável e relação sólidos solúveis/acidez titulável) de 30 acessos de uva de mesa. Os resultados obtidos através dos mapas gerados pelo ESOM mostraram grande diversidade genética entre os acessos. O agrupamento realizado pelo ESOM foi capaz de detectar padrões genéticos e diferenças entre os acessos, permitindo a formação de 7 grupos heteróticos. Concluiu-se que o algoritmo ESOM mostrou-se eficiente para o estudo da diversidade genética dos acessos de uva de mesa do Banco de Germoplasma de Videira, permitindo a formação de grupos heteróticos para utilização em futuros programas de melhoramento genético de videira da Embrapa Semiárido.

Palavras-chave: inteligência artificial; *Vitis* spp; machine learning.

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão da bolsa de mestrado, a UFRPE e a Embrapa Semiárido pela disponibilidade de sua estrutura para a realização da pesquisa.



DIVERSIDADE GENÉTICA E OBTENÇÃO DE *CORE COLLECTION* EM GERMPLASMA DE FEIJÃO COMUM

Jean Fausto de Carvalho Paulino¹; Caléo Panhoca de Almeida¹; Sérgio Augusto Moraes Carbonell²; Alisson Fernando Chiorato²; Qijian Song³; Luciana Lasry Bechimol-Reis¹.

¹ Instituto Agronômico - Centro de Pesquisas em Recursos Genéticos Vegetais - Campinas (SP), Brasil.

² Instituto Agronômico - Centro de Grãos e Fibras - Campinas (SP), Brasil.

³ USDA-ARS - Beltsville USA.

*E-mail: jeanbiotec@gmail.com.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma importante fonte de proteína da dieta humana e o melhoramento genético desta cultura tem produzido cultivares mais produtivas e tolerantes a estresses bióticos e abióticos ao longo dos anos. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética em um painel com 288 acessos de feijão (PDF-288) do germoplasma do Instituto Agronômico (IAC, Campinas). O painel foi genotipado por BeadChip (BARCBean6K_3-Illumina) com 4.042 SNPs de alta qualidade. A avaliação da diversidade foi estimada pela distância genética de Nei agrupada por UPGMA. Os resultados demonstraram a distinção de acessos de origem Mesoamericana e Andina e evidenciaram a presença majoritária de acessos Mesoamericanos no grupo avaliado, com maiores valores relativos à variabilidade genética. A partir do PDF-288, foram selecionados um conjunto de 205 acessos mesoamericanos para obter uma *core collection* para mapeamento associativo, e a comparação entre os dois grupos demonstrou um baixo nível de diferenciação genética pelo índice de fixação (F_{st}). Valores semelhantes sem diferenças significativas também foram observados pelo teste t para o Índice de Diversidade de Shannon, heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e) e coeficiente de endogamia (F). Portanto, o painel avaliado (PDF-288) pode ser representado em termos de diversidade por meio de um conjunto menor, constituindo uma *core collection* (PDF-Core) de 205 genótipos mesoamericanos com base em características agronômicas desejáveis para programas de melhoramento brasileiros. As análises também foram realizadas com base no desequilíbrio de ligação (LD), onde melhor decaimento de LD foi observado com base no valor r^2 observado para o PDF-Core demonstrando a possibilidade do uso futuro deste painel em estudos de associação genômica ampla (GWAS).

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L; Desequilíbrio de ligação; GWAS.

Agradecimentos: FAPESP (2017/24711-4) e CAPES (88882.444193/2019-01).



DINÂMICA DA METILAÇÃO DURANTE A INDUÇÃO DE CALOS EM EXPLANTES FOLIARES DE *ELAEIS OLEIFERA* X *E. GUINEENSIS* DURANTE A EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA

Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso¹; Rennan Oliveira Meira²; Joane dos Santos Neves³; André Luis Xavier de Souza¹; Raimundo Nonato Vieira da Cunha⁴; Ricardo Lopes⁴; Jonny Everson Scherwinski-Pereira¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ²Universidade de Brasília. ³Universidade Paulista. ⁴Embrapa Amazônia Ocidental. *E-mail do autor apresentador: inaemarie@hotmail.com.

A embriogênese somática projeta-se como a alternativa mais utilizada para a propagação clonal de palmeiras. Dentre as espécies já estudadas sobre o tema, citam-se as do gênero *Elaeis*, com destaque para *E. guineensis*, líder em produtividade de óleo. A exploração de plantas desse gênero destaca-se ainda pela possibilidade de hibridização entre *E. guineensis* e *E. oleifera*, o que pode prover ganhos agrônômicos importantes, como resistência a doenças. Todavia, em *Elaeis* spp. baixa calogênese e resposta genótipo-dependente são alguns dos inconvenientes relatados nos estudos, o que exige constantes otimizações dos protocolos e investigação dos vários fatores envolvidos. Assim, objetivou-se analisar a dinâmica de metilação de DNA durante a calogênese visando à embriogênese somática a partir de folhas jovens de um híbrido interespecífico de dendê (*E. oleifera* x *E. guineensis* - B351733). Segmentos foliares foram inoculados em meio de MS (Murashige e Skoog) com 450 µM do ácido 4-amino-3,5,6-tricloropicolínico (Picloram), 30 g.L⁻¹ de sacarose, 2,5 g.L⁻¹ de carvão ativado e de Phytigel. Após 0, 45, 90, 105 e 180 dias de cultivo, amostras foram retiradas para extração do DNA pelo método CTAB. O status de metilação global do DNA (% 5-mC – 5 metilcitosina) foi determinado pelo teste ELISA usando o 5-mC Kit DNA ELISA (Zymo Research), conforme instruções do fabricante. Utilizaram-se três réplicas técnicas de cada amostra de DNA. Verificou-se que, imediatamente antes do cultivo, os explantes exibiam maior percentual de metilação de DNA (50,3%). Todavia, com a progressão do cultivo em meio com auxina, observou-se a ocorrência de hipometilação, sobretudo, aos 45 (17,6%) e 90 dias (1,5%) de cultivo. Enfatiza-se que as primeiras respostas calogênicas foram reportadas a partir dos 90 dias de cultivo. Esses resultados indicam que o cultivo de tecidos foliares do híbrido B351733, em meio com auxina, induz modificações no padrão de expressão gênica mediadas provavelmente por alterações nos níveis de metilação de DNA, as quais possivelmente incrementam a plasticidade celular, possibilitando a expressão de genes importantes para a proliferação celular seguida ou em paralelo à aquisição de totipotência. Trabalhos futuros usando agentes hipometilantes trazem expectativas quanto à possibilidade de sobreposição da recalcitrância de híbridos não responsivos quanto à calogênese embriogênica.

Palavras-chave: Dendê; micropropagação; epigenética.

Agradecimentos: EMBRAPA, CNPq.



DECIDUIDADE EM PROGÊNIES DE IPÊ AMARELO

Carolina Ribeiro Diniz Boaventura-Novaes^{1*}; Antonio Carlos Mota Porto¹;
Heloisa Guimarães Santos¹; Murilo Cândido Ruy¹; Evandro Novaes¹

¹Universidade Federal de Lavras. *cboaventura@gmail.com

O ipê amarelo, *Handroanthus serratifolius* (Vahl) S.Grose, é uma árvore não endêmica e nativa do Brasil que ocorre em todos os biomas, exceto os Pampas. A produção de mudas é realizada sobretudo para uso como recurso genético dentro das áreas de reflorestamento e paisagismo. Ainda que a madeira de *H. serratifolius* seja densa, resistente e valorizada nos mercados interno e externo, existem raros investimentos em plantios para o uso comercial, principalmente por seu crescimento lento. Tipicamente ao final do inverno, durante a época mais seca do ano, as plantas tendem a perder suas folhas e cessar o crescimento. Almejando selecionar indivíduos com o maior crescimento inicial, este trabalho teve como objetivo avaliar progênies para folhas decíduas e perenes de *H. serratifolius*. A avaliação foi realizada em um teste de progênies de irmãos de polinização aberta, provenientes de 45 árvores matrizes. A coleta das sementes das matrizes foi realizada no município de Lavras/MG e o experimento foi implantado em uma fazenda a leste de Ingaí/MG. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados com 7 repetições e 2 plantas por parcela, totalizando 630 indivíduos, com espaçamento de 3x3 m. A presença e ausência de folhas foi analisada após 9 meses da transferência das mudas do viveiro para o campo, em setembro de 2020, antes do início das chuvas. Para estudar a variação entre progênies, a porcentagem de plantas com folhas, dentro de progênies, foi calculada e interpretada pelo intervalo de confiança. Em média, a porcentagem de indivíduos com folhas foi de 8%. Das 45 progênies, 12 apresentaram todos os indivíduos com deciduidade completa. Apenas o caule da planta estava presente, sem folhas, brotos ou mudança de cor que indicasse atividade fotossintética fora de níveis basais. Cinco progênies apresentaram mais de 20% dos indivíduos com folhas durante o período de estiagem. As plantas com tais características devem ser acompanhadas ao longo das estações para verificar a capacidade de adaptação destes indivíduos às condições de estresse hídrico. A variabilidade para deciduidade das folhas entre progênies de *H. serratifolius* abre oportunidades para estudos de seleção de indivíduos que possam ter maior tolerância aos períodos de estiagem e correlacionar esta característica para obter maiores taxas de crescimento das mudas durante o período inicial de desenvolvimento.

Palavras-chave: *Handroanthus serratifolius*; melhoramento florestal; tolerância a seca.

Agradecimentos: Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA, à Sra. Helena Menicucci Zica Paiva pela área e apoio na manutenção do experimento. EN agradece ao CNPq pela concessão de bolsa de produtividade em pesquisa.



Diversidade genética através de microssatélites em *Cynodon dactylon*

Jonathan Campos Rocha^{1*}; Caléo Panhoca de Almeida¹; Fabrícia Cristina Reis²;
Luciana Lasry Bechimol-Reis¹

¹Instituto Agronômico (IAC). ²ESALq/USP. *Joncr.bio@gmail.com

A *Cynodon dactylon*, conhecida popularmente como grama seda, é uma espécie perene encontrada em diversos países que apresentem clima tropical e subtropical. No Brasil, é extensamente encontrada e cultivada em pastagens, porém devido sua alta capacidade colonizadora através de rizomas e estolões, é de difícil controle por processos mecânicos e químicos. Por apresentar fácil hibridação natural, a espécie apresenta poliploidia que amplia sua diversidade genética. Assim, para o controle efetivo da espécie, é importante conhecer a extensão da variabilidade genética da espécie. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar a variabilidade genética de biótipos de cinco populações de grama seda coletadas em diferentes canaviais no estado de São Paulo com treze marcadores microssatélites. Os genótipos selecionados foram cultivados em casa de vegetação e para a extração de DNA, folhas novas da região apical dos estolões foram coletadas. Após as reações de PCR, as amplificações foram visualizadas por genotipador automático *Fragment Analyser*. Dentre os locos amplificados, 77% foram da população de Boituva, 48,62% para a de Ribeirão Preto, 73,39% para Piracicaba, 57,80% para L. Paulista e 53,21% para Araçatuba. A AMOVA (análise de variância molecular) mostrou 61% da variância genética está distribuída entre populações. As análises do STRUCTURE (K=2) demonstraram uma maior estruturação genética para a população de Araçatuba. Este resultado pode ser entendido pelo impedimento de fluxo gênico desta população em relação as demais devido a barreira geográfica do rio Tietê, que corta o estado de São Paulo, bem como elevações montanhosas. Em K=4, as populações de L. Paulistas, Ribeirão Preto e Araçatuba aparecem bem estruturadas o que pode ser atribuído a propagação vegetativa (rizomas) que gera maior incidência de clones e baixo nível de polimorfismo. Em contrapartida, as populações de Piracicaba e Boituva se apresentam muito próximas favorecendo o fluxo gênico entre elas, o que pode ser associado ao maior polimorfismo encontrado. Assim, os resultados das análises realizadas evidenciaram uma forte tendência à queda de variabilidade genética conforme a distância geográfica entre populações aumenta. Outro fator observado foi a maior incidência de clones em populações isoladas. Os resultados obtidos são de suma importância para o entendimento da dinâmica populacional da espécie favorecendo o possível manejo desta nos canaviais paulistas.

Palavras-chave: SSRs; grama seda; estruturação genética.

Agradecimentos: FAPESP (2018/20752-3).



ANÁLISE DE TRILHA ENTRE CARACTERES VEGETATIVOS E DE PRODUÇÃO EM FEIJÃO-FAVA

Guilherme Alexandre Luz da Costa¹; Raimunda Vieira de Pinho¹; Maria de Fátima Brito Vieira¹; Verônica Brito da Silva¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹.

¹Universidade Federal do Piauí. *gluzdacosta@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) é uma leguminosa cultivada predominante no Nordeste Brasileiro utilizada como uma fonte alternativa de alimento consumida na forma de grãos secos ou verdes. A análise de trilha é uma análise multivariada que permite conhecer as correlações entre os caracteres sendo útil na compreensão dos efeitos diretos e indiretos das características estudadas. Em um programa de melhoramento a utilização desse recurso ajuda no processo de seleção com base nos caracteres desejados pelo melhorista. Nesse sentido, o objetivo desse trabalho foi estimar as correlações diretas e indiretas de caracteres vegetativos na produção em progênies de geração F₃ de feijão-fava de porte determinado pertencentes ao Programa de Melhoramento de Feijão-Fava da Universidade Federal do Piauí (UFPI). O experimento foi instalado no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da UFPI em delineamento de blocos casualizados com cinco repetições. Os caracteres mensurados foram Número de Dias para a Emergência, Número de dias para a Floração, Comprimento do Folíolo, Largura do Folíolo, Altura de Planta e Peso de 100 grãos. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e subsequente a análise de trilha por meio do programa computacional GENES. O caráter Peso de 100 grãos foi considerado a variável básica e as demais como secundárias na análise de trilha. Foram observadas correlações negativas variando de baixas a altas para todos os caracteres. O caráter com menor correlação foi Altura de Planta (-0,31) e a variável de maior correlação foi Número de Dias para a Floração (-0,81), sendo possível a seleção simultânea para precocidade e peso de 100 grãos. Os caracteres Número de Dias para Emergência e Largura do Folíolo apresentaram correlações negativas com a variável principal, embora na decomposição dos efeitos ambas exibiram um efeito direto positivo com a variável principal. Com isso, conclui-se que a análise de trilha pode ser uma ferramenta que auxilia na seleção indireta de características de interesse nas fases iniciais do desenvolvimento da planta, agilizando assim o processo de melhoramento de feijão-fava.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; melhoramento genético; correlação.

Agradecimentos: Os autores agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Universidade Federal do Piauí (UFPI) pelo apoio às bolsas de estudo na realização deste trabalho.



ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE PROGÊNIES F₄ DE FEIJÃO-FAVA POR RELM/BLUP

Raimunda Vieira de Pinho¹; Guilherme Alexandre Luz da Costa^{1*}; Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho¹; Carlos Misael Bezerra de Sousa¹; Verônica Brito da Silva¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *gluzdacosta@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma cultura de muita relevância para a região Nordeste do Brasil, pois se destaca como uma espécie de subsistência, sendo produzida, principalmente por parte do setor da agricultura familiar, em regime de sequeiro. No Brasil, no ano de 2018 foram produzidas 11.828 toneladas (t), 1.809 t a mais que no ano de 2017, com rendimento médio de 328 kg/ha (quilogramas por hectare), sendo a região Nordeste responsável por quase 95% dessa produção. No entanto, os genótipos utilizados pelos produtores são variedades crioulas, aquelas selecionadas ao longo do tempo por eles mesmos, cuja qualidade da semente e potencial genético não estão definidos. Dessa forma, o melhoramento da referida espécie é de grande importância para contornar tais problemas. Esse trabalho teve por objetivo aplicar a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) em feijão-fava através da estimação de parâmetros genéticos em população segregante F₄. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da UFPI. O experimento da geração F₄, foi instalado em delineamento de blocos casualizados com três repetições, a condução da população foi feita pelo método Bulk. As análises de componentes de variância via REML/BLUP foram realizadas pelo programa Selegen-REML/BLUP. A herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp}) apresentou valores médios para os caracteres Largura de vagem e Número de lóculos por vagem, sendo 45,8% e 32,5%, respectivamente. Enquanto que para os caracteres comprimento de vagem, número de sementes por vagem e número de vagens por plantas, os valores foram altos 90,4%, 84,5% e 83,5%, respectivamente. A acurácia da seleção de progênies foi muito alta para os caracteres Comprimento de vagem (0,95), Sementes por vagem (0,92) e Número de vagens por planta (0,91); moderado para Largura de vagem (0,68) e Número de lóculos por vagem (0,57). Outro parâmetro que define uma boa experimentação é o Cvr (coeficiente de variação relativa), que é a razão entre o CVgi% (coeficiente de variação genética aditiva individual) e o CVe% (Coeficiente de variação residual), cujo valor pode indicar uma situação favorável à seleção se superior a 1,0, sendo as características Comprimento de vagem (1,78), Sementes por vagem (1,34) e Número de vagens por planta (1,30) que apresentaram valores superiores a 1,0. A herdabilidade da média das progênies apresentou magnitude variando de moderada a muito alta, fato que indica excelentes possibilidades para a seleção, permitindo elevada acurácia seletiva para comprimento de vagem, sementes por vagem e Número de vagens por planta.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; herdabilidade; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: Os autores agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Universidade Federal do Piauí (UFPI) pelo apoio às bolsas de estudo na realização deste trabalho.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS DE UVAS PARA MESA NO VALE DO SÃO FRANCISCO

Jullyanna Nair de Carvalho^{1*}; Samuel Pereira de Carvalho¹; Patrícia Coelho de Souza Leão²

¹Universidade Federal de Lavras. ²Embrapa Semiárido. *jullyannacarvalho@gmail.com.

As principais cultivares de uva de mesa sem sementes cultivadas no semiárido brasileiro foram introduzidas, sendo necessário o desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas dessa região. Nesse contexto, o programa de melhoramento de uvas de mesa apirênicas da Embrapa permite avanços no desenvolvimento de cultivares mais adaptadas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética existente entre 203 híbridos de videira obtidos pelo projeto de melhoramento de videira na Embrapa Semiárido considerando descritores morfo-agronômicos. O experimento está localizado no Campo Experimental de Mandacaru, em Juazeiro, BA. Os dez caracteres quantitativos avaliados foram: produção de cachos por planta (kg); número de cachos por planta; massa do cacho (g); comprimento do cacho (cm); largura do cacho (cm); massa da baga (g); comprimento da baga (cm); largura da baga (cm); teor de sólidos solúveis (°Brix); e acidez titulável (% ácido tartárico). A diversidade genética entre os genótipos foi estimada a partir da distância euclidiana média como medida de dissimilaridade e analisada por meio dos componentes principais. Para análise de agrupamento utilizou-se o método UPGMA. As análises estatísticas multivariadas foram realizadas no programa Xlstat. A análise de componentes principais evidenciou que quatro componentes são necessários para explicar 81% da variação total. O componente principal 1 explicou 43,75% da variação total e esteve associado a produção e a dimensão do cacho e da baga. O componente principal 2, representou 15,18% da variância e correlacionou-se com a dimensão da baga. O componente principal 3, explicou 11,42% e esteve associado com o número de cachos. Por fim, o componente principal 4 contribuiu com 10,66% da variação total e teve correlação com as características químicas da uva. A análise de agrupamento permitiu a formação de oito grupos. O grupo 1 foi composto por 93 genótipos (46%) e o grupo 3 por 75 genótipos (37%). O grupo 8 representado pelo genótipo 49-22, apresentou maiores dimensões da baga (massa, comprimento e largura). O grupo 7, genótipos 38-35 e 01-06, destacou-se pela maior produção. O grupo 4 formado pelos genótipos 49-85 e 49-28 apresentou maior número de cachos por planta. O grupo 6 abrangeu três genótipos que apresentaram cachos com maior peso. Existe pequena variabilidade genética entre os híbridos de uvas para mesa, evidenciando a necessidade de avaliação de um maior número de caracteres, especialmente em relação à qualidade das uvas a fim de obter informações mais completas para diferenciação dos híbridos.

Palavras-chave: videira; descritores morfo-agronômicos; análise multivariada.

Agradecimentos: à CAPES pela concessão de bolsa de estudos



AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE *Coffea canephora* COM BASE NO DESENVOLVIMENTO VEGETATIVO INICIAL

Luina Ribeiro Noia^{1*}; Iasmine Ramos Zaidan¹; Valderson Cabral de Arruda¹; Diego

Pereira do Couto¹; Gabriel Lenen Javarini Moro¹; Wagner Bastos dos Santos Oliveira¹; Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. *noia.luina@gmail.com

O café é uma *commodity* global, cuja cadeia compreende uma série de participantes, desde os produtores, passando pelos intermediários, até o consumidor final. O café é produzido em cerca de 80 países tropicais, onde mais de 120 milhões de pessoas dependem dele para sobreviver. Portanto, a conservação e o estudo dos recursos genéticos das espécies de cafeeiro são fundamentais para a manutenção da cultura de forma sustentável, pois estes recursos permitem o melhoramento contínuo da produtividade e da qualidade da cultura. Visando o estudo e a conservação dos recursos genéticos de *Coffea canephora* Pierre, foram coletadas sementes de matrizes superiores em lavouras seminais antigas do Sul do Espírito Santo. As mudas feitas a partir destas sementes foram plantadas em abril de 2018 em Mimoso do Sul - ES (21°03'50"S 41°21'57"W). O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética de 30 destes genótipos de *C. canephora* com base no desenvolvimento vegetativo inicial. Para tanto, foram avaliados a altura e o diâmetro do caule dos genótipos em fevereiro de 2020 e o comprimento médio dos ramos plagiotrópicos (CR) e o número de nós produtivos (NP) em abril de 2020. Os valores obtidos foram padronizados (Zi [0-1]) para a posterior realização de um *heatmap* com agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). O agrupamento foi realizado com base na Distância Euclidiana Média Padronizada entre os genótipos. Houve a formação de quatro grupos principais: Grupo 1: baixos valores em todas as características avaliadas; Grupo 2: altos valores de NP e valores medianos das demais características; Grupo 3: valores de NP variando de baixos a médios e valores medianos das demais características e; Grupo 4: altos valores de altura e diâmetro, valores de CR entre baixos e altos, e baixos valores de NP. O Grupo 2 destacou-se pelo alto NP, com uma média de 7 nós, enquanto os grupos 1, 3 e 4 tiveram médias de 0,43; 1,83; e 3,00, respectivamente. Os genótipos do Grupo 2 parecem ser interessantes ao melhoramento, pois têm estatura e ramos médios com alta densidade de nós produtivos, indicando tendência a serem altamente produtivos, com facilidade de colheita e possibilidade de maior adensamento. Este trabalho possibilitou visualizar a existência de variabilidade genética entre os genótipos e o potencial destes para contribuir com o melhoramento da cultura.

Palavras-chave: café conilon; variabilidade genética; *heatmap*.

Agradecimentos: CNPq; CAPES; FAPES; UFES.



LEVANTAMENTO DE VAQUINHA (*Diabrotica speciosa* Germ.) EM ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO-CAUPI DA UFC

Jair Roberto Oliveira Alves¹; Messias de Abreu Neto¹; Ana Kelly Firmino da Silva²; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini³, José Wagner da Silva Melo³⁻

¹Graduando em agronomia na Universidade Federal do Ceará. ²Engenheira Agrônoma da Universidade Federal do Ceará. ³Professor(a) da Universidade federal do Ceará. *E-mail do autor apresentador: oliveirajair355@gmail.com.

A cultura do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), também conhecido como feijão-de-corda, feijão miúdo e tantas outras denominações locais, é uma cultura muito importante para a Agricultura Familiar, das regiões Norte e Nordeste do Brasil, locais de maiores produções da cultura. Pensando em conhecer melhor a interação de alguns genótipos, do Banco Ativo de Germoplasma de feijão-caupi (BAG) da Universidade Federal do Ceará, com a vaquinha (*Diabrotica speciosa* Germ.), que é uma das principais pragas da cultura, realizou-se um levantamento na área de multiplicação do BAG de feijão-caupi da UFC, durante o período de agosto a outubro de 2019. Foi realizada um total de 9 avaliações em 53 acessos diferentes, os quais estavam plantados em fileiras de 5 metros com 10 plantas e espaçamento de 0,5 m entre plantas e 2 m entres fileiras. As avaliações para o inseto-praga analisado eram feitas, tomando-se como unidade amostral as folhas mais jovens das oito plantas centrais, levando em consideração a presença ou ausência da praga ou injúria. Com isso pôde-se notar a presença da praga em 12 acessos no período vegetativo, sendo a vaquinha classificada como praga acidental nos acessos L2P2, CE-150, CE-734, CE-584, CE-987, CE-06 e CE-146; praga acessória nos acessos CE-608, CE-569, CE-510 e CE-581; e praga constante no acesso CE-732. No período reprodutivo, houve um aumento no número de plantas atacadas dentro de cada acesso, passando de 1 no período vegetativo, para 35 acessos onde a praga é considerada constante. Analisando a fenologia desses acessos pôde-se notar que 18 deles são considerados de ciclo médio e 14 de ciclo tardio, o que aumenta o período crítico de ataque da praga, tornando a planta mais susceptível aos danos causados por essa. Já nos genótipos CE-520, CE-991 e CE-871, onde a vaquinha é considerada praga acidental, o ciclo de produção é precoce para os dois primeiros. Com isso é necessário realizar um estudo mais detalhado, com esses acessos precoces em que a praga teve pouca incidência, para confirmar a resistência ou tolerância a esse inseto-praga.

Palavras-chave: Recursos Genéticos; *Vigna unguiculata*; Interação genótipo-praga.

Agradecimentos: agradeço ao Programa de Educação Tutorial, pelo fomento da bolsa, ao Núcleo de Estudos e Pesquisa em Melhoramento e Biotecnologia de Recursos Genéticos vegetais, pelo incentivo ao desenvolvimento do trabalho e ao BAG de Feijão-Caupi da UFC, por fornecer o material estudado.



USO DE GERMOPLASMA E PARTICIPAÇÃO COLABORATIVA ENTRE EQUIPES INTERDISCIPLINARES: ETAPAS ESSENCIAIS PARA O DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES

Graziela da Silva Barbosa¹; Manoel Abílio de Queiróz¹; Bárbara Laís Ramos Barbosa²; Tatsuya Nagata³; Débora Maria Sansini Freitas⁴; Rita de Cássia Souza Dias⁴

¹Universidade do Estado da Bahia. ²Universidade Estadual de Feira de Santana.

³Universidade de Brasília. ⁴Embrapa Semiárido. *E-mail do autor apresentador: grazzy22@hotmail.com

O melão (*Cucumis melo* L.) é cultivado no Semiárido brasileiro durante todo o ano pelas condições edafoclimáticas favoráveis e a produção chega a mais de 90% ao nível nacional, tanto para o mercado interno como para o mercado externo. No Vale do Submédio São Francisco, pequenos produtores cultivam, em sua maioria, melões do tipo Amarelo, geralmente suscetíveis aos principais estresses bióticos. Em 2019 foi realizada visita de equipe de melhoristas e virologistas a campos de produção de meloeiro para coleta de amostras foliares com sintomas típicos de vírus, em três grandes perímetros irrigados do Vale: Salitre, Mandacaru e Manicoba, em Juazeiro-BA, e em Curaçá-BA, onde se verificou elevada incidência de vírus do “amarelão do meloeiro” (*Cucurbit aphid-borne yellows virus* - CABYV), transmitido por mosca-branca (*Bemisia tabaci* Genn.), além de mosca-minadora (*Liriomyza sativae* Blanchard), consideradas as principais e atuais preocupações dos produtores na região, que fazem aplicação intensiva de inseticida, a cada dois dias, visando o controle dos insetos-praga. O desenvolvimento de cultivares de meloeiro adaptadas às condições locais e resistentes a essas pragas é uma saída sustentável. O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro possui fontes para esses dois estresses que foram obtidas em experimentos de avaliação de acessos de melão desse banco. Assim, com a colaboração participativa entre melhoristas e virologistas, envolvendo a Embrapa Semiárido, a Universidade do Estado da Bahia, a Universidade Estadual de Feira de Santana e a Universidade de Brasília, dando continuidade aos trabalhos iniciados, permitir-se-á o desenvolvimento de cultivares resistentes a esses dois estresses o que irá ajudar muito os produtores de melão no desenvolvimento da referida cultura no Vale do Submédio São Francisco, uma vez que essas instituições dispõem de recursos humanos altamente qualificados e equipamentos modernos, além de protocolos estabelecidos, notadamente para a pesquisa com a virologia, além de germoplasma no BAG que tem fonte de resistência identificada. Logo, é fundamental que esta equipe possa dar continuidade a este trabalho cooperativo para que os frutos possam ser colhidos dentro de um espaço de tempo o menor possível.

Palavras-chave: melão; genes de resistência; agricultura tradicional.

Agradecimentos: à CAPES, à Embrapa Semiárido, à Fapesb e à UNEB.



SELEÇÃO GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus urophylla* S.T. BLAKE COM SOBREPOSIÇÃO DE GERAÇÕES

Silvelise Pupin^{1*}; Renan Furquim da Silva¹; Darlin Ulises Gonzalez Zaruma¹;
José Cambuim¹; Paulo Henrique Muller da Silva²; Mario Luiz Teixeira de
Moraes¹

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira.

²Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), Piracicaba. *E-mail do autor apresentador: silvelise.pupin@gmail.com

Eucalyptus urophylla alinha características desejáveis de produtividade, qualidade da madeira e tolerância ao déficit hídrico. Por isso, é considerada uma espécie promissora para expansão dos plantios em regiões que apresentam condições limitantes para o crescimento. Isto associado ao efeito das mudanças climáticas, torna indispensável a caracterização de recursos genéticos, buscando a seleção de genótipos adaptados a regiões que concentram indústrias de base florestal, como a do Bolsão sul-mato-grossense. Diante disso, o objetivo foi selecionar genótipos visando a formação de um pomar de sementes por mudas (PSM). Para tanto, utilizou-se um teste de progênies (TP) de *E. urophylla*, instalado em dezembro de 2009, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, localizada em Selvíria-MS. O TP constitui parte do Programa Cooperativo de Melhoramento Florestal, do IPEF, que agregou 167 progênies de polinização aberta. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com cinco repetições e cinco plantas por parcela, no espaçamento 3,0 × 2,5 m. Aos 9,5 anos após o plantio foi mensurado o diâmetro a altura do peito (DAP, cm). Os parâmetros genéticos foram obtidos com base na metodologia REML/BLUP, aplicando-se o procedimento para avaliação de indivíduos em progênies de meias-irmãs, em um local e várias observações por parcela. A indicação dos genótipos foi baseada na seleção de genitores e na sobreposição de geração. A partir dos valores genotípicos preditos foram selecionados 30% das famílias (50 melhores progênies), reunindo 508 indivíduos. Desses, verificou-se que 147 indivíduos (28,9%) tiveram desempenho superior a geração anterior e podem ser promissores na seleção para formação do futuro PSM. A maior porção de indivíduos, com comportamento superior a árvore matriz, pertence às progênies: 137 (76,9%); 127 (60,0%); 11 (53,8%); 97, 107, 129 e 157 (cada um com 50,0%), a indicar a contribuição positiva dos parentais paternos para constituição genética dos descendentes. Por outro lado, as progênies 92, 108 e 166 apresentaram 100% dos indivíduos com desempenho inferior ao parental materno. Assim, a seleção com sobreposição de gerações permite a indicação de genótipos para formação do pomar de sementes por mudas e o comparativo entre o desempenho da geração atual e anterior.

Palavras-chave: melhoramento florestal; pomar de sementes por mudas; seleção de genitores.



O SUCESSO DO USO DE GRÃOS DE PÓLEN CRIOPRESERVADOS EM CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS DE ESPÉCIES ASSÍNCRONAS DE *Paspalum*

Naiana Barbosa Dinato^{1*}; Natália Daniel²; Ailton Ferreira de Paula¹; Bianca Baccili Zanotto Vigna³; Frederico de Pina Matta³; Alessandra Pereira Fávero³

¹Universidade Federal de São Carlos ²Universidade Central Paulista ³Embrapa Pecuária Sudeste *E-mail do autor apresentador: nanadinato@hotmail.com

De grande relevância forrageira, *Paspalum* é um dos gêneros mais importantes da família Poaceae distribuídas nas regiões tropicais das Américas. Muitas espécies são nativas da região Sul do Brasil, cobrindo grandes áreas de pastagem. Devido à grande variabilidade morfológica existente, elas são utilizadas por melhoristas em cruzamentos a fim de obter progênies com características agrônômicas de interesse. Contudo, um dos desafios enfrentados pelos melhoristas é a assincronia de florescimento presente no gênero. Uma forma de solucionar o problema é a criopreservação de pólen. Logo, este estudo visou realizar cruzamentos entre espécies com florescimento assíncrono utilizando pólen criopreservado, confirmando assim sua viabilidade *in vivo*. Os grãos de pólen foram coletados e desidratados utilizando LiCl por 30' e Sílica-gel por 120' seguido da criopreservação. Os grãos de pólen ficaram armazenados em nitrogênio líquido por cerca de 12 meses, quando foram realizados os seguintes cruzamentos interespecíficos entre janeiro e abril de 2018: (1) *P. urvillei* (BGP 393) x *P. malacophyllum* (BGP 6; BGP 293); (2) *P. urvillei* (BGP 393) x *P. regnellii* (BGP 215). Plantas utilizadas como genitores femininos foram emasculadas pela manhã em casa de vegetação e polinizadas com pólen criopreservado. Foram polinizadas 1405 espiguetas que resultaram em 554 cariopses cheias (39,43%), as quais foram plantadas em sementeiras. Destas, 413 plântulas germinaram (74,5%) e foram posteriormente transplantadas em saquinhos de muda. Para confirmar o sucesso dos cruzamentos, todas as plântulas das progênies obtidas foram previamente selecionadas fenotipicamente com o uso de descritores morfológicos, e, posteriormente, foi realizada a análise de marcadores microssatélites (SSR) e inter-microssatélites (ISSR). Observou-se que, dos sete marcadores ISSR testados, quatro ((CT)8-G, (AC)8-T, (ATG)5-GA e (GA)8-C) conseguiram diferenciar os genitores de alguns cruzamentos e dos 50 SSR avaliados, 12 diferenciaram os genitores dos cruzamentos realizados. Foram avaliados, pelo menos, quatro marcadores polimórficos para cada cruzamento, os quais confirmaram 62 híbridos no total. Com a confirmação da hibridação pelos marcadores moleculares, fica evidente que grãos de pólen desidratados com sílica gel ou LiCl continuam viáveis após 12 meses de criopreservação e são capazes de gerar progênies oriundas de genitores com florescimento assíncrono.

Palavras-chave: criopreservação; hibridação; marcador molecular

Agradecimentos: Embrapa SEG #01.15.02.002.05.12, Unipasto e Capes



DESEMPENHO AGRONÔMICO DO ALGODÃO NATURALMENTE COLORIDO EM FUNÇÃO DA ADUBAÇÃO FOSFATADA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Letycia de Lima Costa¹; Manoel Galdino dos Santos¹; Michele Barboza¹; José Ricardo Tavares de Albuquerque¹; Hamurabi Anizio Lins¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹; Lindomar Maria da Silveira¹

Universidade Federal Rural do Semi-Árido¹. *letycialima230@gmail.com

Os solos brasileiros cultivados com algodão (*Gossypium hirsutum* L.) são caracterizados por apresentarem baixa fertilidade, principalmente em fósforo (P), sendo sua aplicação de extrema importância na obtenção de altas produtividades. Nessa perspectiva é necessário fazer pesquisas com cultivares algodão quanto à nutrição mineral, onde se torna relevante a importância de recursos genéticos para obtenção de cultivares melhorada que respondam bem ao fornecimento de P. Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho das cultivares de algodão colorido em função da adubação fosfatada em condições semiáridas. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Rafael Fernandes, pertencente à Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, de agosto a dezembro de 2017. O delineamento experimental foi em blocos completos casualizados com quatro repetições, em esquema de parcelas subdivididas, em que nas parcelas foram alocadas as cinco doses de P (0, 60, 120, 180 e 240 kg ha⁻¹) ao qual o superfosfato simples foi utilizado como fonte de P, e nas subparcelas quatro cultivares de algodão naturalmente colorido (BRS Rubi, BRS Safira, BRS Topázio e BRS Verde). Os tratamentos culturais foram realizados conforme a necessidade e atendendo as recomendações para a cultura. As variáveis estudadas foram altura de planta (AP) em cm, diâmetro do caule (DC) em cm e área foliar por planta (AF) em cm². Nas características estudadas ocorreram diferentes repostas entre as cultivares e as doses aplicadas. Na AP não houve diferença entre as cultivares nas doses 120 e 240 kg ha⁻¹ de fósforo. A cultivar BRS Safira obteve maior AP do que às cultivares BRS Topázio, BRS Rubi e BRS Verde na dose de 180 kg ha⁻¹ de fósforo. Na ausência de adubação e na dose de 60 kg ha⁻¹ de P a cultivar BRS Verde foi a que teve a menor AP dentre as cultivares. As doses que proporcionaram a máxima AP foram 191, 240 e 143 kg ha⁻¹ nas cultivares BRS Rubi, BRS Topázio e BRS Verde, respectivamente. Para DC não ocorreu diferenças entre as cultivares, observou o efeito isolado das doses de P, em que a dose de 225 kg ha⁻¹ proporcionou o maior DC. Na AF as doses que proporcionaram a máxima AF foram 130 kg ha⁻¹ de P na cultivar BRS Rubi e 240 kg ha⁻¹ de P nas cultivares BRS Topázio e BRS Verde. A cultivar BRS Rubi obteve maior AF em relação às cultivares BRS Safira nas doses de 0, 60, 120 e 240 kg ha⁻¹ de P, BRS Topázio (60, 120 e 180 kg ha⁻¹ de P) e BRS Verde (0, 120 e 180 kg ha⁻¹ de P).

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum* L.; nutrição mineral; área foliar.

Agradecimentos: CAPES; CNPq; UFRSA; PPGFITO; EMBRAPA.



COMPARAÇÃO DE PROTOCOLOS PARA EXTRAÇÃO DE DNA GENÔMICO EM *Prosopis juliflora* (Sw.) DC

Luiz Henrique Tolentino Santos^{1*}; Messulan Rodrigues Meira²; Cibelle Santos Dias²; Jardyelle Carvalho Lima³; Rodrigo Oliveira Borges¹; Elisa Susilene Lisboa dos Santos^{2,4}; Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva^{1,2,4}

¹Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). * santoslht@gmail.com.

²Programa de Pós-graduação em Ciências Ambientais, UESB.

^{3,2}Curso de Ciências Biológicas, UESB.

⁴Departamento de Ciências Exatas e Naturais, UESB.

A *Prosopis juliflora* (Sw.) DC é uma espécie arbórea da família das leguminosas, originária da região Tropical Andina, sendo bem adaptada ao semiárido brasileiro. Possui importância social e econômica, dentre as possibilidades, pode-se citar o potencial para alimentação humana e de animais, além da produção de madeira, proteção do solo, arborização urbana, promoção do bem estar animal pelo sombreamento de pastagens, além de suporte na apicultura. Pesquisas genéticas e moleculares, sobretudo relativos a diversidade ainda são escassos. Prévios relacionados à escolha de um protocolo para extração de DNA são importantes para determinar a melhor técnica, otimizando assim a base para diversos estudos genético moleculares. Diante do exposto, objetivou-se comparar a eficiência entre sete protocolos de extração de DNA genômico para *P. juliflora*. Os protocolos foram otimizados, por meio da eliminação do uso de β - mercaptoetanol, nitrogênio líquido, proteinase K e RNases. Para cada protocolo, utilizou-se três amostras foliares de espécies coletadas em ambiente antropizado. O DNA genômico foi extraído a partir dos protocolos: SDS 10%, CTAB 5%, Manitol, Sorbitol, SDS 0,7% e NaCl, CTAB 2%, CTAB 2% e NaCl 1,4M. Avaliou-se a quantidade e qualidade do DNA por meio de sistema de eletroforese horizontal com gel de agarose a 1% e leituras espectrofotométricas, respectivamente. Para as reações de amplificação, utilizou o iniciador ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) DiCA3'RG (5'- CAC ACA CAC ACA CAC ARG-3'). Dos tampões de extração, os preparados com uso de SDS 10%, CTAB 5% e Sorbitol foram mais eficientes para a *P. juliflora*. Dos três protocolos que apresentaram eficiência, o SDS 10% e o CTAB 5% apresentaram boa quantidade de DNA (312 e 321 ng/ μ l), porém com alto teor de contaminantes. Já o Sorbitol apresentou menor quantidade de DNA (123 ng/ μ l), mas se destacou em nível de pureza. Mostra-se viável o uso de protocolos de extração de DNA com menor número de aditivos nocivos à saúde e com menor custo no processo de extração.

Palavras-chave: Ácidos nucleicos; Algaroba; Genética molecular

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPESB



POTENCIAL AGRONÔMICO E TECNOLÓGICO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJÃO

Lucas Vinicius de Sousa Alcantara¹, Leticia Lunardi¹, Lucas Teixeira da Silva¹, Gustavo Gomes Borges da Silva¹, Surian Fernanda de Almeida¹, Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: luckas.alcantara@gmail.com

Ensaio de valor de cultivo e uso (EVCU) são avaliações probatórias necessárias para o registro e o lançamento de novos cultivares. Nesse trabalho, buscou-se mensurar o potencial agronômico e tecnológico de 15 linhagens de feijão em fase de avaliação de EVCU. Os experimentos foram desenvolvidos durante a safra de 2018/19, na Unidade de Ensino e Pesquisa (UNEP) de Culturas Anuais da Universidade Tecnológica Federal do Paraná Câmpus Dois Vizinhos (UTFPR-DV), localizada na região Sudoeste do Paraná. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com três repetições, onde as parcelas foram compostas por quatro linhas de quatro metros cada e separadas por meio metro. A adubação de base foi realizada conforme análise de solo e expectativa de rendimento para a cultura de 3.000 kg.ha⁻¹. A adubação de cobertura e o controle de pragas e plantas daninhas foram realizados com base em recomendações técnicas para a cultura. Foram avaliados o número de vagens por planta (NVP), número de grãos por planta (NGP), produtividade, peso de 1000 grãos (P1000) e tempo de cozimento. A variedade CHP 01-182-12 apresentou o maior NVP (15,90). A variedade LP 13-624 atingiu o maior NGP (56). Observou-se a maior produtividade na variedade IPR Sabiá (2977,54 kg.ha⁻¹). A variedade Pérola apresentou o maior P1000G (246,33 g). A variedade LEC 04-16 apresentou o menor tempo de cozimento (16 minutos), enquanto a variedade CNFRS-L558 apresentou o maior tempo (23 minutos). Ficou demonstrado que para as condições do sudoeste do Paraná as linhagens CHP 01-182-12, LEC 04-16, LP13-624, LP13-84 e TB 17-02 apresentam maior potencial para se tornarem cultivares registrados comercialmente em relação as demais linhagens estudadas neste trabalho.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, produtividade, melhoramento genético.

Agradecimentos: UTFPR Campus Dois Vizinhos pelo aporte financeiro e ao IAPAR pela cedência do material genético.



NÚMERO DE RAMOS EM CULTIVARES DE ALGODÃO NATURALMENTE COLORIDO SUBMETIDOS À ADUBAÇÃO FOSFATADA

Letycia de Lima Costa¹; Manoel Galdino dos Santos¹; Michele Barboza¹; José Artur Silva¹; Laura Raissa Fagundes Costa Bezerra¹; Rayanne Maria Paula Ribeiro¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹; Lindomar Maria da Silveira¹

Universidade Federal Rural do Semi-Árido¹. *letycialima230@gmail.com

O algodoeiro (*Glossypium hirsutum* L.) está entre as culturas que mais se desenvolve no cenário agrícola brasileiro, visto seu potencial produtivo. A região Semiárida do Nordeste brasileiro é considerada área potencial para o cultivo do algodão. No entanto seus solos contêm baixos teores de fósforo um dos elementos que mais limitam a produtividade das culturas na região. Por isso, a relevância de recursos genéticos para obtenção de cultivares melhorada que respondam bem ao fornecimento de fósforo. Diante disso, o objetivo do trabalho foi avaliar o número de ramos em cultivares de algodão naturalmente colorido submetido a diferentes doses de fósforo no Semiárido brasileiro. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Rafael Fernandes, pertencente à Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, de agosto a dezembro de 2017. O delineamento experimental foi em blocos completos casualizados com quatro repetições, em esquema de parcelas subdivididas, sendo alocadas nas parcelas cinco doses de fósforo (0, 60, 120, 180 e 240 kg ha⁻¹), e nas subparcelas quatro cultivares de algodão, naturalmente colorido (BRS Rubi, BRS Safira, BRS Topázio e BRS Verde). As fontes utilizadas na adubação foram ureia (90 kg ha⁻¹ de N), cloreto de potássio (60 kg ha⁻¹ de K₂O) e superfosfato simples para fósforo. Os tratamentos culturais foram realizados conforme a necessidade e de acordo com as recomendações para a cultura. As variáveis avaliadas foram número de ramos vegetativo por planta (NRV), número de ramos reprodutivo por planta (NRR) e número de ramos totais por planta (NRT). Não houve diferenças significativas para o NRV em relação às cultivares e doses aplicadas de fósforo. Para o NRR observou-se o efeito isolado das cultivares, ou seja, não houve interação entre as doses de fósforo aplicado e as cultivares de algodão naturalmente colorido. As cultivares BRS Rubi, BRS Safira, BRS Topázio obtiveram maiores NRR do que a cultivar BRS Verde. A dose de fósforo que proporcionou o máximo NRR foi de 200 kg ha⁻¹. No NRT ocorreu apenas diferença entre as cultivares, sendo as cultivares BRS Rubi, BRS Safira e BRS Topázio que obtiveram maiores NTR em comparação a cultivar BRS Verde.

Palavras-chave: Fósforo; semiárido; *Glossypium hirsutum* L.

Agradecimentos: CAPES; CNPq; UFERSA; PPGFITO; EMBRAPA.



INDUÇÃO DE CALOS A PARTIR DE DISCOS FOLIARES DA CULTIVAR CINGAPURA DE PIMENTEIRA-DO-REINO

Pedro Camillo Siqueira dos Santos¹; Joanne Moraes de Mello Souza¹; Oriel Filgueira de Lemos²; Vicente Savonitti Miranda¹; Herica Santos de Oliveira^{1*}

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²EMBRAPA Amazônia Oriental.

*herica.oliveira@ufra.edu.br.

A pimenta-do-reino é um dos condimentos mais valorizados do mundo, um recurso genético de importância social e econômica, pois gera emprego e renda na agricultura familiar. O estado do Pará é o segundo produtor nacional, porém sua produção vem decrescendo devido aos problemas fitossanitários, onde destaca-se a fusariose. A espécie *Piper nigrum* L. não possui fontes de tolerância ao fungo, sendo estes genes de tolerância encontrados em espécies de *Piper* nativas. Caso ocorra a transferência gênica interespecífica e materiais tolerantes sejam obtidos, um protocolo de regeneração *in vitro* via embriogênese somática promoverá a clonagem vegetal, permitindo a produção em larga escala desses materiais tolerantes. O objetivo do trabalho foi obter calos para posterior surgimento de embriões somáticos a partir de segmentos foliares de *P. nigrum* L. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biotecnologia Vegetal da UFRA. O material vegetal utilizado foram plântulas micropropagadas de pimenteira-do-reino da cultivar Cingapura, que forneceram as folhas para a retirada dos discos foliares, que foram transferidos para as placas de Petri contendo 10 mL de meio de cultura MS, com diferentes concentrações de ácido naftalenoacético (ANA): 0,0; 10; 20 e 40 μM sendo composto por quatro repetições por tratamento. Todos os meios de cultura foram suplementados com 30 g L⁻¹ de sacarose, solidificados com phytigel a 0,2 g L⁻¹ e pH ajustado para 5,8 antes da autoclavagem por 20 minutos, a 120°C e sob pressão de 1,5 atm. O experimento foi estabelecido em sala de cultivo, sob condições laboratoriais. O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, com quatro tratamentos e quatro repetições por tratamento, sendo cada repetição representada por uma placa de petri com cinco discos foliares, totalizando 20 explantes por tratamento. As avaliações foram quanto as porcentagens de formação de calos e a observação de surgimento de embrião somático. Oito semanas após o cultivo *in vitro* observou-se que em 5% dos explantes houve a formação de calos quando submetidos a 40 μM de ANA, ocorreu contaminação por bactéria em 10% dos discos foliares na presença de 20 μM de ANA, e oxidação nos demais explantes submetidos aos quatro tratamentos. Danos físicos no momento da excisão podem contribuir para a oxidação, sendo necessário o uso de antioxidantes. Neste sentido há a necessidade de novos estudos para o estabelecimento dos explantes e posterior formação de calos. Durante a avaliação não houve o surgimento de embriões somáticos.

Palavras-chave: *Piper nigrum* L.; calogênese; ácido naftalenoacético.

Agradecimentos: UFRA, EMBRAPA.



MICROPROPAGAÇÃO DE BANANEIRA EM SISTEMA SEMISSÓLIDO E BIORREATORES DE IMERSÃO TEMPORÁRIA

Janiffe Peres de Oliveira¹; Frederico Henrique da Silva Costa²; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso³; Joane dos Santos Neves⁴; Jonny Everson Scherwinski-Pereira³

¹Instituto Federal do Acre. ²Universidade Federal do Acre. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ⁴Universidade Paulista. *E-mail do autor apresentador: jonny.pereira@embrapa.br.

A cultura da bananeira (*Musa* sp.) é uma das mais importantes do mundo e sua propagação é realizada convencionalmente por meio de partes vegetativas, devido ao fato da maioria dos cultivares comerciais não produzirem sementes ou por elas serem estéreis. Nesse sentido, abordagens biotecnológicas, como a micropropagação e engenharia genética, são cruciais para a propagação em escala e melhoramento genético da cultura. Contudo, a propagação *in vitro* apresenta custos elevados de produção, o que pode ser mitigado pelo uso de meio líquido e biorreatores. Assim, objetivou-se avaliar diferentes sistemas de cultivo (convencional e biorreatores) sobre a micropropagação de duas variedades de bananeira: 'Preciosa' e 'Thap Maeo'. Brotações *in vitro* foram cultivadas em meio de MS (Murashige e Skoog), com 2,5 mg.L⁻¹ de 6-benzilaminopurina e 30 g.L⁻¹ de sacarose, em dois sistemas: Semissólido (SS) e Biorreator de Imersão Temporária (BIT). Em SS, utilizaram-se frascos de 250 mL com 40 mL de meio e 1,8 mg.L⁻¹ de Phytigel. Em BIT, utilizaram-se frascos de 5.000 mL com 400 mL de meio líquido, com imersão a cada 6 h/3 min. Realizaram-se 4 subcultivos de 40 dias. As brotações foram alongadas e enraizadas em meio sem fitorregulador e, após 40 dias, avaliaram-se altura, taxa de multiplicação, percentagem de enraizamento e da massa fresca e seca total. As plantas foram aclimatizadas e, após 60 dias, avaliou-se a taxa de sobrevivência. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, com 6 repetições/sistema de cultivo. Verificou-se que o sistema BIT proporcionou maior incremento em altura e biomassa para ambas variedades. Porém, esse sistema proporcionou taxas de multiplicação (nº de brotos/explante) inferiores em relação ao SS (1,5 e 3,1 - 'Preciosa' e 2,0 e 2,9 - 'Thap Maeo', respectivamente), o que pode ser explicada pelo fato dos explantes não terem sido subdivididos durante os subcultivos, fato ocorrido naqueles em sistema convencional (SS). Para o percentual de enraizamento, não foram observadas diferenças estatísticas entre os sistemas de cultivo para as variedades, com valores superiores a 90%. O maior crescimento verificado em BIT é relacionado, provavelmente, com a maior absorção dos componentes do meio de cultura. Verificou-se ainda que o sistema SS garantiu maior taxa de sobrevivência para 'Thao Maeo' (97,2%). Logo, recomenda-se o uso de BIT para micropropagação de plantas da variedade 'Preciosa' e otimização das condições de cultivo em BIT para 'Thap Maeo'.

Palavras-chave: *Musa*; micropropagação; biorreator.

Agradecimentos: EMBRAPA, CNPq.



ACLIATIZAÇÃO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE *DENDROCALAMUS ASPER* COM USO DE SUBSTRATOS E MICORRIZAÇÃO

Fernanda Duarte Araújo Himmen¹; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Rennan Oliveira Meira¹; Joane dos Santos Neves³; Francisco Adriano de Souza⁴; Jonny Everson Scherwinski-Pereira⁴

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ³Universidade Paulista. ⁴Embrapa Milho e Sorgo. *E-mail do autor apresentador: jonny.pereira@embrapa.br.

O bambu é uma planta multiuso com alta relevância mundial. Contudo, espécies de bambu possuem limitações de propagação por métodos tradicionais. A reprodução sexuada, por exemplo, é marcada pela baixa disponibilidade e viabilidade de sementes e ciclos irregulares de florescimento. Em função dessas características, da sua natureza perene e comportamento monocárpico, o melhoramento de plantas de bambu por métodos convencionais não é possível. Assim, técnicas biotecnológicas, em especial, a propagação *in vitro* e engenharia genética são fundamentais para garantir o melhoramento genético em bambu. Embora vários protocolos de micropropagação em bambu estejam disponíveis na literatura, a etapa de aclimatização ainda é considerada problemática em muitas espécies, o que exige otimizações. Assim, objetivou-se avaliar o efeito de substratos e micorrização sobre a aclimatização de plantas micropropagadas de *Dendrocalamus asper*, uma espécie de bambu lenhoso de origem asiática. Para tal, utilizaram-se plantas propagadas em meio de MS (Murashige e Skoog), com 1,5 mg.L⁻¹ de Metatopolina. Foram testados 3 substratos (Bioplant® + areia 1:1 (v/v), Carolina Soil® + areia 1:1 (v/v) e terra de subsolo puro) combinados ou não com a inoculação do fungo micorrízico arbuscular *Rhizoglyphus clarum* (CNPMS05), totalizando 6 tratamentos com 10 repetições cada. Após preenchimento dos copos (200 ml) com os substratos, distribuíram-se 20 g do inóculo micorrízico no centro de cada copo, sobre o qual as plantas foram dispostas. Em seguida, elas foram aclimatizadas em câmara de crescimento, à 25±2 °C e fotoperíodo de 16 horas, por 30 dias. Posteriormente, foram transferidas para casa de vegetação, onde permaneceram por 60 dias. Aos 90 dias, avaliaram-se altura, número de hastes e a ocorrência ou não de colonização micorrízica. Verificou-se ocorrência de colonização do fungo em apenas 10% das plantas do substrato Bioplant®, não sendo verificados indícios de colonização nos demais substratos. Aparentemente, as baixas taxas de colonização das raízes refletem uma possível incompatibilidade entre o fungo e as raízes de *D. asper*. O substrato Carolina Soil® sem inoculação micorrízica garantiu maior altura média (13 cm), maior ganho em biomassa radicular e 100% de sobrevivência das mudas. Diante dos resultados, sugere-se o uso do substrato Carolina Soil® para aclimatização de plantas de *D. asper*, assim como otimizações no protocolo de colonização micorrízica.

Palavras-chave: Bambu; micropropagação; aclimatização.

Agradecimentos: EMBRAPA, UnB.



ÉPOCAS DE PLANTIO NO DESEMPENHO PRODUTIVO DE CULTIVARES DE FEIJÃO

Letícia Lunardi¹, Lucas Vinícius de Sousa Alcantara¹, Lucas Teixeira da Silva¹, Larissa Yuki Terada¹, Rodrigo Evers¹, Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: le.lunardi@hotmail.com

Para a implantação da cultura com melhor êxito devemos determinar a melhor época e escolha da cultivar mais adequada a região, enfocando no aumento da produtividade. Visando avaliar o potencial produtivo de diferentes cultivares o estudo foi realizado para avaliar as épocas de plantio tendo como objetivo procurar determinar a melhor época de plantio para as cultivares. A implantação da pesquisa foi realizada na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, no período de 2018 a 2019, testando três cultivares diferentes de feijão (Campos Gerais, IPR Tangará e IPR Uirapuru), em épocas diferentes de plantio: outubro e novembro de 2018 e janeiro e fevereiro de 2019. Em delineamento de blocos casualizados com três repetições. As variáveis analisadas foram produtividade ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$), número de vagens por planta, número de grãos por vagem e peso de mil grãos. Houve interação significativa para as variáveis analisadas, evidenciando assim o efeito das épocas de cultivo sobre o comportamento das diferentes cultivares de feijão. Através da análise do experimento pode-se observar a produtividade das cultivares, a que melhor se sobressaiu foi a Campos Gerais, tendo melhor desempenho na primeira época; apresentou o maior peso de mil grãos na primeira época em relação as demais tendo apresentado também maior número de vagens e grãos. A produtividade máxima das cultivares também foi na primeira época de plantio (outubro de 2018). Nas demais épocas subsequentes o desempenho desta cultivar foi reduzindo sucessivamente. As duas demais cultivares IPR Uirapuru e IPR Tangará tiveram maior produtividade na primeira época assim como a Campos Gerais, e da mesma forma tiveram seu desempenho reduzido nas demais épocas. De acordo com os resultados obtidos pode-se determinar que a cultivar Campos Gerais apresentou destaque para produção principalmente na primeira época de plantio (outubro) na Região Sudoeste do Paraná.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; rendimento de grãos; manejo cultural.

Agradecimentos: agradecimento a UTFPR Campus Dois Vizinhos pelo aporte financeiro.



REAÇÃO DE SUBACESSOS DE MELOEIRO AO *MELOIDOGYNE ENTEROLOBII*

Anderson Rodrigues dos Santos¹, Patrícia Gomes de Oliveira², Manoel Abilio de Queiróz¹

¹ Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais – (DTCS), Universidade do Estado da Bahia – (UNEB), Juazeiro, Brasil; ² Departamento de Ciências Biológicas – (DCB), Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS). andersonuneb93@gmail.com

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma hortaliça de importância econômica e social para o Semiárido brasileiro, pois mais de 90% da produção brasileira ocorre nessa região e nos cultivos comerciais geralmente são utilizadas cultivares híbridas, suscetíveis a estresses bióticos, entre eles os nematoides. Assim visando a redução do uso de pesticidas faz-se necessária a identificação de genótipos dessa olerícola resistentes ao *Meloidogyne enterolobii* (Sin. *M. mayaguensis*). Para isso, foi instalado um experimento em blocos ao acaso com 12 repetições no Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais (DTCS) da Universidade do Estado da Bahia (UNEB) em Juazeiro-BA, no período de 27/08/2019 a 10/01/2020, utilizando oito subacessos de melão do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro (BGMEL23.0, BGMEL73.0, BGMEL87.1, BGMEL86.3, BGMEL108.2, BGMEL97.2, BGMEL66.0, BGMEL108.3, três tipos comerciais: Louro 183, Canariam, Melão Amarelo AM-SF 594), localizado na Embrapa Semiárido. Foram produzidas mudas que depois foram transplantadas para vasos de 2,5 L preenchidos com solo autoclavado e uma planta por vaso. Aplicou-se 0,5 mL de uma suspensão com 1500 ovos e juvenis de segundo estágio (J2) de *M. enterolobii* em cada planta. Aos 60 dias foi analisado o sistema radicular dessas plantas quanto ao fator de reprodução (FR – quociente entre a população final e a população inicial). Observou-se variação do desempenho das médias entre os diferentes tratamentos, onde o subacesso BGMEL86.3 mostrou um FR de 36,5 e o subacesso BGMEL66.0 teve um FR de 3,6 e o híbrido Louro mostrou uma média de 21,4. Contudo, analisando a variação do FR entre plantas, dentro de cada subacesso, os mesmos tratamentos apresentaram respectivamente, valores de 17,1 a 69,1; 1,6 a 5,6 e 1,3 a 47,7, indicando que existe grande variação nos valores de FR, tanto entre como dentro dos subacessos e, assim, essas plantas promissoras com menor FR podem ser utilizadas em programas de melhoramento do meloeiro. No entanto, como o processo de avaliação da reação de uma planta ao nematoide é destrutivo, torna-se necessário usar a propagação *in vitro* do melão de forma que as plantas promissoras possam ser resgatadas dando continuidade ao trabalho de melhoramento de melão resistente a *Meloidogyne enterolobii*.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; Resistência; Nematoides de galha.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB), pela concessão de bolsa; à UNEB pela alocação da infraestrutura e à Embrapa Semiárido pela concessão das sementes dos subacessos de melão e obtenção do inóculo.



CONTRIBUIÇÃO DE DESCRITORES PARA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SEIS POPULAÇÕES DE MELANCIA

Tiago Lima do Nascimento¹; Rita de Cássia Souza Dias²; Flávio de França Souza²; Joice Simone dos Santos³; Karina Branco de Almeida⁴; Nataniel Franklin de Melo²

¹Doutorando em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Estadual de Feira de Santana, bolsista FAPESB/CAPES. ²D.Sc. e Pesquisadores da Embrapa Semiárido.

³Professora do curso subsequente em agropecuária. Instituto Federal do Ceará.

⁴Mestranda em agronomia: Horticultura Irrigada. Universidade Estadual da Bahia.

*tiago_lim.a@hotmail.com.

Durante o desenvolvimento de novos genótipos programas de melhoramento buscam explorar a variabilidade genética existente, no entanto antes de iniciar as fases de melhoramento são necessárias caracterizar os genótipos disponíveis buscando excluir duplicatas e matérias similares. Contudo, o número de descritores empregado é bastante extenso e torna essa etapa laboriosa, sendo necessária a identificação e seleção de descritores capazes de fornecer maiores informações sobre a variabilidade dos genótipos, buscando reduzir a quantidade de descritores. Diante ao exposto, o objetivo do presente estudo foi estimar a contribuição de características morfoagronômicas para a divergência genética em genótipos de melancia. Para isso, foram avaliadas seis populações de melancia em delineamento de blocos casualizados com parcelas de quatro plantas. As plantas foram avaliadas no campo experimental da Embrapa Semiárido, localizado no Perímetro irrigado do Projeto Bebedouro, Petrolina-PE. Nessas populações foram avaliados os seguintes descritores: cor da polpa em escala de h(CPh), comprimento do fruto(CFR), firmeza da polpa(FP), antese em flor masculina(AFM), largura de semente(LS), peso de fruto(PF), massa de semente(MS), comprimento de semente(CS), produtividade(PROD), relação do comprimento/largura do fruto(CFR/LFR), antese de flor feminina(AFF), espessura de casca(EC), teor de sólidos solúveis(TSS), largura do fruto(LF), relação do comprimento/largura de semente(CS/LS), espessura de semente(ES), comprimento de rama principal(CRP), e o número médio de frutos por planta(NFP). Após serem coletados, os dados foram submetidos análise de variância e em seguida estimada suas contribuições para a diversidade. As maiores contribuições foram observadas para a CPh(64,65%), CF(6,91%), FP(5,97%), enquanto que as menores contribuições foram observadas para ES(0,07%), CRP(0,03%), e NFP(0,01%). Os descritores mais informativos poderiam ser utilizados para se estimar a diversidade das populações do presente estudo, de contra partida os que menos contribuíram são passíveis de exclusão, o que minimizaria esforços, no entanto vale lembrar que o descarte de descritores deve ser realizado com bastante cautela buscando evitar a perda de informações importantes sobre as populações em estudo.

Palavras-chave: variabilidade; melhoramento genético; Singh.

Agradecimentos: A CAPES, FAPESB, UEFS, e a EMBRAPA Semiárido



MELHORAMENTO GENÉTICO INDIRETO DE CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE MELANCIA

Tiago Lima do Nascimento¹; Rita de Cássia Souza Dias²; Flávio de França Souza²; Joice Simone dos Santos³; Karina Branco de Almeida; Nataniel Franklin de Melo²

¹Doutorando em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Estadual de Feira de Santana, bolsista FAPESB/CAPES. ²D.Sc. e Pesquisadores da Embrapa Semiárido.

³Professora do curso subsequente em agropecuária. Instituto Federal do Ceará.

⁴Mestranda em agronomia: Horticultura Irrigada. Universidade Estadual da Bahia.

*tiago_lim.a@hotmail.com.

Desenvolver novos genótipos de maneira rápida e eficiente é o principal objetivo dos programas de melhoramento das espécies, porém a expressão do caráter de interesse pode demorar para aparecer. Desse modo, a identificação de um caráter precoce relacionado a outro que se expressa tardiamente é de grande importância para acelerar o melhoramento das culturas. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi estudar a correlação entre características morfoagronômicas de melancia. Para isso, foram avaliadas seis populações de melancia, em delineamento de blocos casualizados com três repetições. As plantas foram avaliadas no campo experimental da Embrapa Semiárido, localizado no Perímetro irrigado do Projeto Bebedouro, Petrolina-PE. Nessas populações foram avaliados os descritores: comprimento(CS), e a massa(MS) de dez semente/fruto, tipo de listra nos frutos(TLF), intensidade de coloração da listra(ICL), largura de listra(LL), forma do fruto na sessão longitudinal(FSL), forma do fruto na sessão apical(FFA), relação do comprimento largura de fruto(C/D), espessura de casca(EC), e firmeza da polpa(FP). Os dados coletados foram submetidos a análise de variância, em seguida foram estimadas as correlações de Pearson. Foram observadas correlações altas e positivas entre o CS com a MS(0.99), e o TLF (0.74), a associação entre o primeiro par de características já era esperado por se tratar de variáveis altamente correlacionadas, enquanto que o segundo par se mostra promissor quando se busca melhorar de maneira precoce. Os pares do TLF com C/D (0.86) e EC (0.70), evidenciam chances de ganhos simultâneos entre os pares, resultado semelhante também foi observado entre FSL com a C/D (0.86) e EC (0.92). A relação FFAxFP (0.89), também apresentou valor elevado, bem como C/D com a EC (0.96). Além das correlações positivas, também foram observados altos valores negativos entre alguns pares: CSxLL (-0.72), MSxLL (-0.75), ICLxC/D (-0.94), ICLxEC (-0.81), LLxC/D (-0.84), FSLxFP (-0.95), C/DxFP (-0.80) e CDxFP (-0.90), indicando ganhos inversamente proporcionais entre eles. Os pares de características que apresentaram valores elevados independente do sinal pode ser explorado dentro dos programas de melhoramento das espécies, devendo levar em consideração os objetivos de cada programa.

Palavras-chave: Seleção antecipada; relação direta; correlação.

Agradecimentos: A CAPES, FAPESB, UEFS, e a EMBRAPA Semiárido.



POTENCIAL DE CULTIVO E USO DE LINHAGENS DE FEIJÃO

Lucas Teixeira da Silva¹, Lucas Vinícius de Sousa Alcantara¹, Larissa Yuki Terada¹, Letícia Lunardi¹, Surian Fernanda de Almeida¹, Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador: lucass.1999@alunos.utfpr.edu.br.

O feijoeiro é uma cultura, que possui importância significativa nos âmbitos econômicos e sociais, principalmente no Brasil, sendo este o maior consumidor. Este trabalho teve como objetivo analisar por meio de ensaios de valor de cultivo e de uso (EVCU), o desempenho de novas cultivares de feijão da safrinha 2019 no Sudoeste do Paraná, alinhado a padrões avaliativos de interesse agrônomo e tecnológico. O experimento foi conduzido na área experimental da UTFPR Campus Dois Vizinhos-PR na safra agrícola 2018/2019, durante a safrinha (safra seca). Adotou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, tendo uma composição de 15 linhagens avançadas. Foram avaliadas as características agrônomicas e avaliado o número de vagens por planta (NVP), número de grãos por planta (NGP), produtividade, peso de 1000 grãos (P1000) e tempo de cozimento. Em relação ao número de vagens por planta a linhagem LP 13-84 obteve melhor resultado, que por vez apresentou melhor resultado também na produtividade em kg. ha⁻¹. A linhagem TB 17-02 apresentou maior resultado em relação ao número de grãos por planta. Em relação ao peso de 1000 grãos a linhagem CNFRJ-15-411 obteve o melhor resultado. Já em relação ao tempo de cozimento teve-se uma média de 15 minutos entre as linhagens. Determinado o desempenho de cada linhagem as que obtiveram os melhores resultados possuem condições de receberem o RNC, pois demonstram alto índice produtividade para com o agricultor e comodidade para o consumidor.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* EVCU; Componentes do rendimento.

Agradecimentos: UTFPR Campus Dois Vizinhos pelo aporte financeiro e ao IAPAR pela cedência do material genético.



DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS DE MANDIOCA PARA CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS Y AGRONÓMICAS

Amalio Mendoza^{1*}; César Caballero Mendoza²; Cipriano Ramón Enciso Garay²; Guillermina Macchi²

¹Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA-Paraguay). ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Asunción. San Lorenzo, Paraguay

*E-mail do autor apresentador: amalio.mendoza@ipta.gov.py

O Paraguai representa como centro de origem da mandioca e apresenta uma ampla diversidade conservada na condição de coleção, esta cultura constitui umas da principal fonte de alimentação humano para o país e encontra-se na maioria das propriedades de pequenos agricultores rurais. Grande partes da produção no Paraguai são destinado no consumo humano em estado fresco e outras para a indústria de amido e uma pequena na alimentação animal. O trabalho teve como objetivo estimar a distância genética de 80 híbridos de mandioca obtidos por polinização aberta na Facultad de Ciencias Agrarias da Universidad Nacional de Asunción (FCA-UNA) do Paraguai. As avaliações foram realizadas no Campo de Pesquisa da FCA, localizado na cidade de San Lorenzo. Os 80 híbridos se estabeleceram em blocos sem repetição de cinco metros de comprimento para cada híbrido. As variáveis considerados foram altura total da planta (ATP), altura da primeira ramificação (APR), níveis de ramificação (NR), número de raízes comerciais por planta (NRC), número de raízes no comercial por planta (NRNC), número total de raízes por planta (NTR) para as avaliações foram utilizados os descritores do Instituto Internacional de Recursos Filogenéticos (IPGRI). Os dados foram submetidos a análises multivariado pelo método da Distância euclidiana, agrupado pela metodologia de Otimização de Tocher e importância de caracteres por Singh (1981), para as análises foi utilizado o software GENES. As variáveis ATP e APR foram os que mais contribuírem para a distância genética com 33,68% e 66,09%, respectivamente. A variável número de raiz por planta foi que apresentou menor contribuição na distância genética com 0,02. Os híbridos 13 e 48 foram os mais distantes com valores de 1,88 e da menor distância entre o 1 e 28 com valores de 0,05. Os híbridos se agruparam em 17 grupos e os genótipos 48, 42 e 14 formam um grupo cada um. Para os caracteres estudados encontra-se distancia genética que poderia ser ainda explorada para outras finalidades e ir avançando no melhoramento genético.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz, Germoplasma, Melhoramento Genético

Agradecimentos: Facultad de Ciencias Agrarias da Universidad Nacional de Asunción pelo apoio na realização deste trabalho de pesquisa.



VARIABILIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÃO ENTRE OS GENÓTIPOS DE *Dipteryx alata* Vogel PARA PLANTIO POR SEMENTES OU PROPAGAÇÃO VEGETATIVA

Darlin Gonzalez Zaruma^{1*}; Marília Gabriela Pereira¹; Silvelise Pupin¹; José Cambuim¹; Alexandre Marques da Silva¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP. *E-mail: dgzaruma@gmail.com.

No Bioma Cerrado e em áreas de transição Cerrado/Mata Atlântica (Floresta Estacional Semidecidual) está ocorrendo nos últimos 30 anos a redução drástica de boa parte da vegetação, levando a perda de populações naturais de espécies arbóreas. Estudos para conservar e garantir a variabilidade genética destas populações ameaçadas tem sido intensificado, e uma das ferramentas utilizadas é a conservação *ex-situ*, que mantém a base genética em locais que não estejam ameaçados pelo desenvolvimento humano, para serem avaliados de forma mais acessível em sistemas agroflorestais e na recuperação de áreas degradadas. O presente trabalho teve por objetivo estimar a variabilidade genética e a posição dos genótipos para plantio por sementes (a) e propagação vegetativa (g) de *Dipteryx alata* com fins de conservação e reflorestamento. A partir de um teste de procedências e progênies instalado em abril de 2015 na forma de um sistema silvipastoril na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Faculdade de Engenharia, Campus de Ilha Solteira (FEIS/UNESP) no município de Selvíria-MS. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com 129 tratamentos (progênies), uma planta por parcela, 13 repetições, no espaçamento de linhas duplas (1,5 x 3,0 m) x 4,5 m. Os caracteres avaliados foram: altura (ALT) e diâmetro à altura do peito (DAP) aos 4 anos de idade. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio do procedimento REML/BLUP. A sobrevivência de 75,9%, aos quatro anos, reforça a ideia de que a espécie tem boa adaptação e o potencial para uso em reflorestamentos, atuando como secundária. O valor médio para ALT e DAP foi de 5,44 m e 6,34 cm, respectivamente. O coeficiente de variação genética (CV_{gi}) para os caracteres ALT e DAP foi de 21,33% e 15,74%. A herdabilidade média foi de 0,85 e 0,66, respectivamente. A variação entre progênies, evidenciada por meio do teste da razão da verossimilhança (LRT) foi significativa para os dois caracteres. Quanto

a posição dos genótipos para plantio por sementes (a) e propagação vegetativa (g) o coeficiente de correlação de Spearman (r_s), foi maior que 90% para os caracteres: ALT (1,00) e DAP (0,98), sugerindo que os melhores indivíduos para o plantio, via sementes, também são os melhores para um plantio por propagação vegetativa.

Palavras-chave: Baru; Efeitos genéticos; Cerrado.

Agradecimentos: À Secretaria Nacional de Ciência y Tecnologia – SENESCYT pelo apoio financeiro e a Pontal Flora pelo apoio à pesquisa.



ESTIMATIVA DO NÚMERO DE REPETIÇÕES PARA AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MELÃO DO GRUPO INODORUS

Maria Andreza Fontes^{1*}; Bernardo Bezerra de Araújo Junior²; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹; Stefeson Bezerra de Melo¹; Adriano Ferreira Martins¹; Elaine Welk Lopes Pereira Nunes¹; Francisco Leandro Costa Loureiro¹; Roberta Rocha Ferreira¹.

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. ²Instituto Federal do Rio Grande do Norte.

*E-mail do autor apresentador: andrezafontes97@gmail.com.

A determinação do número de repetições a partir de dados de ensaios já realizados é uma importante ferramenta no planejamento experimental, pois evita que ensaios sejam realizados exclusivamente com esse fim, minimizando os custos com mão de obra a partir do aproveitamento de informações já existentes. Este trabalho foi realizado com o objetivo de determinar o número de medições (repetições) necessário para avaliar os caracteres de produtividade e sólidos solúveis em híbridos de melão do grupo botânico *inodorus*. O estudo foi composto por 20 experimentos, sendo 12 avaliando 10 híbridos de melão tipo Honey Dew e 8 experimentos avaliando 13 híbridos de melão Amarelo. Todos os experimentos foram conduzidos em DBC, com três repetições. Para cada experimento, realizou-se a análise de variância com nível nominal de significância $\alpha = 0,05$, utilizando o modelo estatístico $y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência. A partir da análise de variância, foram estimados os coeficientes de repetibilidade (r) e de determinação genotípico (R^2). Foi observada variabilidade no número de repetições necessário para predição de um mesmo valor real dos genótipos entre os caracteres avaliados e os tipos de melão. Para os experimentos com melão Honey Dew, o uso de 3 repetições permitiu identificar genótipos superiores com 62,4% de exatidão para produtividade e 71,2% para sólidos solúveis. Para o melão Amarelo, experimentos utilizando 3 repetições permitiram identificar genótipos superiores com 81,1% de certeza na predição do valor real para produtividade e 61,9% para sólidos solúveis. Para inferências mais seguras sobre o efeito dos híbridos, seria necessário um maior número de repetições, contudo, os incrementos observados na predição do valor real dos genótipos a partir de 5 repetições mostraram-se insignificantes, resultando em ganhos menores e inexpressivos em precisão. Observou-se, portanto, que o dimensionamento do número de repetições é específico para cada caráter, cabendo ao pesquisador determinar o de maior interesse e assim estabelecer o número de repetições necessário para identificar genótipos superiores com o nível de exatidão desejado.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L.; Repetibilidade; Planejamento de experimentos.

Agradecimentos: A UFERSA e ao IFRN.



HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 414723 À RAÇA 'BR06' DE *Podosphaera xanthii* L.

Francisco Leandro Costa Loureiro¹; Maria Andreza Fontes^{1*}; Adriano Ferreira Martins¹; Elaine Welk Lopes Pereira Nunes¹; Anânkia de Oliveira Ricarte¹; Ana Cyntia da Silva Rocha¹; Roberta Rocha Ferreira¹; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹.

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA. *E-mail do autor apresentador: andrezafontes97@gmail.com.

O oídio (*Podosphaera xanthii* L.) é uma das doenças de origem fúngica mais severas que afetam a parte aérea do meloeiro. Os sintomas são caracterizados pelo crescimento de um pó branco e pulverulento constituído por micélio, conidióforos e conídios do fungo. O controle via resistência genética tem sido usado com sucesso, entretanto, a frequente ocorrência de variabilidade de raças fisiológicas do patógeno dificulta o desenvolvimento de cultivares resistentes à todas elas. A primeira etapa para produzir uma cultivar resistente é identificar fontes de resistência no germoplasma disponível. Uma vez identificada e caracterizada, os estudos de herança são necessários. Através destes estudos é possível conhecer o número de genes e alelos envolvidos, bem como a sua maneira de interagir, o que possibilita ao melhorista definir as melhores estratégias para o programa de melhoramento. O objetivo do trabalho foi estudar a herança da resistência presente no acesso PI 414723 à raça 'Br06' de *P. xanthii*. O experimento foi conduzido em casa-de-vegetação, localizada na UFERSA, campus Mossoró-RN no ano de 2018. Foram inoculadas um total de 195 plantas, sendo cinco do acesso PI 414723, cinco plantas do cultivar susceptível 'Goldex', cinco plantas F1 (PI 414723 x 'Goldex') e 180 plantas F2. A inoculação do isolado (raça 'BR06') foi feita através da deposição de estruturas do fungo (<2g) sobre a parte adaxial da terceira folha verdadeira das plantas. Quinze dias após a inoculação realizou-se a avaliação da doença, observando-se o desenvolvimento de micélio, conidióforos e conídios do fungo. As plantas foram classificadas utilizando uma escala de notas de 1 a 4. Plantas com notas 1 e 2 foram consideradas resistentes, enquanto que, plantas com notas 3 e 4, suscetíveis. As análises foram feitas a partir das frequências observadas na população segregante (F2), adotando-se o teste de Qui-quadrado (χ^2) para testar o possível modelo genético. Todas as plantas de PI 414723 foram resistentes e todas plantas "Goldex" susceptíveis. Todas as plantas F1 foram resistentes. Foram observadas 114 plantas resistentes e 66 susceptíveis na geração F2, o que se aproxima de uma relação de 9 resistentes para 7 susceptíveis. A razão de segregação observada indica que a herança da resistência do acesso PI 414723 à raça 'Br06' de *P. xanthii* é controlada por dois genes com epistasia recessiva dupla.

Palavras-chave: Oídio; Melão; Epistasia.

Agradecimentos: à CAPES e ao CNPq.



FENOTIPAGEM PARA DESEMPENHO AGRONÔMICO DE LINHAGENS EM FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL PRETO NO ESTADO DO PARANÁ

André Sarabia Zamarian^{1*}; Letícia Elisiane Beluzzo²; Adair Moraes³; Paulo Cezar Lopes³; José dos Santos Neto³; Nelson da Silva Fonseca Júnior³.

¹Centro Universitário Filadélfia (UniFil). ²Universidade Estadual de Londrina (UEL).

³Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná).

*andre_sarabia@hotmail.com

O Paraná é o maior produtor nacional de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) e, embora a produtividade média do estado seja superior a brasileira, pode ainda, ser melhorada através do melhoramento genético, que é uma das ferramentas que promovem melhorias principalmente com relação aos índices produtivos. Deste modo, é essencial o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, que apresentam comportamentos previsíveis e com alta capacidade de responder aos estímulos do ambiente. Uma nova cultivar para ser disponibilizada com segurança e responsabilidade como nova opção aos produtores é essencial que seja testada uma série de experimentos em mais de um ano consecutivo, em distintas regiões representativas da cultura e nas diferentes épocas de cultivo. Objetivou-se com o presente trabalho analisar o desempenho agronômico de linhagens de feijão comparadas com cultivares do grupo comercial preto, verificando se alguma linhagem possui mérito para se tornar cultivar e então poder ser disponibilizada aos produtores. Foi avaliado o rendimento de grãos obtidos em 24 ensaios de determinação do valor de cultivo e uso durante três anos. As cultivares padrões utilizadas foram BRS Esteio e IPR Uirapuru. As linhagens foram originadas do Programa Feijão do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IAPAR - EMATER (IDR-Paraná), em Londrina-PR. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso com quatro repetições que foram conduzidos nas safras das águas e seca, em locais representativos das regiões produtoras de feijão no Paraná. Os ensaios nos anos agrícolas de 2016/2017, 2017/2018 e 2018/2019, nas safras de águas e da seca. Foram efetuadas as análises de variância individual e conjunta, apenas com as testemunhas e oito linhagens comuns a esses três anos. Para a interpretação da interação dos genótipos testados nos vários ambientes, utilizou-se as análises de estabilidade e adaptabilidade fenotípicas, mediante métodos que se baseiam no modelo de regressão linear única e bissegmentada e análise não paramétrica. As análises revelaram que a linhagem LP 6 obteve destacadamente mérito para ser indicada como nova cultivar.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento; estabilidade e adaptabilidade.

Agradecimentos: Ao IDR-Paraná pela infraestrutura e apoio no desenvolvimento da pesquisa e ao CNPq pela concessão da bolsa de iniciação científica.



FENOTIPAGEM DE FRUTOS DE GENÓTIPOS DE AMEIXA

André Sarabia Zamarian^{1*}; Johni Jonathan Schaffazick²; Flávio Correa de Carvalho³; Daniel Soares Alves⁴; Clandio Medeiros da Silva⁵; Daniel Mocelin Silveira⁶

¹Centro Universitário Filadélfia (UniFil). ^{2,3,6}Centro de Ensino Superior dos Campos Gerais (CESCAGE). ^{4,5}Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - Iapar-Emater (IDR-Paraná). *andre_sarabia@hotmail.com.

O número de cultivares lançadas de interesse econômico cresceu, principalmente, nas instituições públicas e universidades, que hoje mantêm esses recursos genéticos sob sua guarda. A normatização da proteção do trabalho de melhoristas é feita e coordenada, pela International Union for the Protection of New Varieties of Plants – UPOV, o Brasil, também se tornou membro da UPOV, comprometendo-se, a regular o direito dos melhoristas. Baseado nesta informação o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) disponibiliza instruções para os testes de DHE (Distinguíbilidade, Homogeneidade e Estabilidade) para as cultivares de ameixeira japonesa (*Prunus salicina* Lindl.), o Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IAPAR - EMATER (IDR-Paraná), mantém um banco ativo de germoplasma de ameixa (BAG-ameixa) no município de Ponta Grossa/PR, com 382 acessos entre cultivares, seleções e introduções. Este trabalho teve por objetivo fenotipar frutos oriundos de cinco genótipos (duas seleções obtidas pelo programa de melhoramento do IDR-Paraná e três cultivares comerciais). Dez frutos das cultivares Irati, Fortune e Piamontesa e das seleções PR-1095 e PR-1148 foram utilizados, sendo colhidos no estágio de fruto maduro no ano de 2018. As características avaliadas foram tamanho, forma, profundidade da sutura, coloração de cobertura, coloração da polpa, firmeza da polpa, grau de aderência do caroço a polpa, suculência da polpa, forma do caroço (vista ventral e lateral) e peso, estas características encontram-se na normativa de DHE do MAPA e foram realizadas no laboratório de fruticultura na Estação Experimental do IDR-Paraná na cidade de Ponta Grossa/PR. Com relação ao tamanho dos frutos o genótipo PR-1095 e a cultivar Fortune foram consideradas frutos grandes os demais pequenos. A forma, todos os genótipos foram considerados cordiformes, exceção da cultivar Piamontesa considerada oblata. A profundidade da sutura a exceção do genótipo PR-1095 que foi considerado como média os demais como sutura profunda. A coloração de cobertura, Fortune, Irati e a seleção PR-1095 foram avaliadas como vermelha, Piamontesa e a seleção PR-1148 como púrpuras. A coloração da polpa variou de amarelada a verde amarelada, exceção da Fortune considerada como laranja. Para a firmeza da polpa todos foram considerados como firmes. O grau de aderência do caroço a polpa considerou todos como aderentes. A suculência da polpa variou entre média a alta, a forma do caroço (vista ventral e lateral) foi considerada elíptica e o peso médio dos dez frutos variou de 34,68 gramas a 79,35 gramas, onde a seleção PR-1095 apresentou uma média de 60,62 gramas, podendo ser recomendada como uma nova cultivar caso estas informações possam ser comprovadas em outra avaliação.

Palavras-chave: DHE; Melhoramento; Avaliação.

Agradecimentos: Ao IDR-Paraná pela estrutura durante a condução do experimento.



ANÁLISE QUALITATIVA PARA TOLERÂNCIA A ESTRESSES BIÓTICOS EM CAFÉ CONILON

Iasmine Ramos Zaidan^{1*}; Luina Ribeiro Noia¹; Valderson Cabral de Arruda¹; Diego Pereira do Couto¹; Gabriel Lenen Javarini Moro¹; Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. *iasmineros@yahoocom.br

A principal doença que afeta a cafeicultura é a ferrugem causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, causando perdas de até 50%. O bicho-mineiro e a cochonilha são pragas que além de prejudicar o desenvolvimento, afetam a produção do cafeeiro. Avaliações em campo experimental possibilitam a distinção de genótipos tolerantes ou resistentes a tais estresses, visando identificar genótipos representativos para conservação da diversidade genética e promover desenvolvimento de programas de melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi avaliar a tolerância de 50 genótipos de café conilon a estresses bióticos por análise visual das plantas em campo. As plantas foram de origem seminal, de sementes coletadas em lavouras antigas do sul do Espírito Santo, sem proximidade à cultivos de genótipos melhorados, indicando possibilidade de fontes de alelos e de alta variabilidade genética. A lavoura foi implantada em abril de 2018 na cidade de Mimoso do Sul – ES (21°03'50"S 41°21'57"W) com cinco clones comerciais foram usados como testemunhas (A1, P2, Verde, RBS e RO). A avaliação quanto a tolerância aos estresses bióticos (ferrugem, bicho-mineiro e cochonilha) foram realizadas em dezembro de 2019 por análise visual, com base em escala de notas (1 a 5) em que a nota 1, corresponde aos genótipos tolerantes e nota 5, genótipos mais suscetíveis. Análises descritivas foram realizadas e obtido um ranking dos genótipos mais tolerantes a partir da soma das notas obtidas por característica. As plantas com as menores notas apresentarem menos ou nenhum sintoma. Os genótipos 6, 23, 29, 32, 33, 35, 36, 39 e o clone P2 foram os mais tolerantes com soma de notas igual a três, enquanto os genótipos 8, 10, 12, 13, 21, 28, 46 e 48 com soma igual a seis, representando genótipos mais suscetíveis. O genótipo 3 foi o de maior nota entre os 50 avaliados, com nota igual a oito. Dentre os genótipos avaliados, oito obtiveram nota mínima (igual a três) sendo considerados mais tolerantes aos estresses, nenhuma planta atingiu o máximo e a grande maioria teve nota menor que a metade, indicando possibilidade de seleção de material genético divergente aos estresses bióticos nesta população.

Palavras-chave: *Coffea canephora*; melhoramento genético; variabilidade genética.

Agradecimentos: CNPq; CAPES; FAPES; UFES.



ANÁLISE VISUAL PARA TOLERÂNCIA À SECA E ESTIMATIVA DE PRODUÇÃO DE *Coffea canephora*

Iasmine Ramos Zaidan^{1*}; Luina Ribeiro Noia¹; Valderson Cabral de Arruda¹; Wagner Bastos dos Santos Oliveira¹; Guilherme Bravin Canal¹; Jônatas Gomes Santos¹; Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. *iasmineramos@yahoo.com.br

A seca é o principal estresse abiótico que afeta o café, ocasionando prejuízos no crescimento, produtividade e sustentabilidade da cultura. Com o intuito de selecionar genótipos superiores, o objetivo deste estudo foi avaliar a tolerância à seca e a estimativa de produção de genótipos de café conilon atribuindo-se notas através de análise visual em 50 genótipos e cinco clones comerciais utilizados como testemunhas (A1, P2, Verde, RBS e RO). O experimento foi instalado em abril de 2018 em Mimoso do Sul – ES (21°03'50"S 41°21'57"W) e as mudas eram provenientes de sementes de lavouras seminais antigas do sul do Espírito Santo, local de provável maior variabilidade da espécie. As lavouras onde foram coletadas as sementes foram acompanhadas durante quatro anos para garantir que não compartilhavam material genético com cultivares melhoradas e que nunca tinham sido estudadas. Tais critérios foram adotados para confirmar que estes genótipos eram inéditos, promissores e fonte de alta variabilidade genética. As análises qualitativas visuais para tolerância a seca foram realizadas em fevereiro de 2019, após um período atípico de seca, com precipitação acumulada em torno de 30 mm na região. As plantas foram classificadas por notas (1 a 5), onde plantas não afetadas pela seca receberam nota 1 e as plantas severamente afetadas receberam nota 5. Para a estimativa de produtividade, três avaliadores classificaram as plantas por notas (1 a 5) em dezembro de 2019, onde as plantas mais produtivas receberam nota 1 e as plantas que não produziram receberam nota 5. Feito isso, retirou-se a média das notas dadas pelos avaliadores para realizar uma análise estatística descritiva e um ranking dos genótipos mais tolerantes e produtivos foi construído a partir da soma das notas obtidas por característica avaliada e as plantas que obtiveram as menores notas, foram consideradas melhores. O genótipo 34 apresentou uma soma de notas igual a 2, ou seja, tolerante à seca e altamente produtivo. O clone A1 obteve boa classificação no ranking com nota igual a 3. Os genótipos 13, 14, 17, 25, 37, 42, 45, 47 e 48 também foram bem classificados com nota igual a 4. Os piores genótipos que apresentaram as maiores pontuações foram 20, 28 e 41 com a soma de notas igual a 9. A partir dessas análises, é possível concluir que existe grande variabilidade genética entre os genótipos e que o genótipo 34 se mostrou bastante promissor, pois apresentou uma menor pontuação sendo considerado tolerante à seca e com boa produção.

Palavras-chave: Déficit hídrico; café conilon; melhoramento genético.

Agradecimentos: CNPq; CAPES; FAPES; UFES.



INDUÇÃO DE EMBRIÕES GINOGENÉTICOS EM CEBOLA (*Allium cepa* L.)

Elisandra da Silva Sousa¹; Mailson Monteiro do Rêgo¹; Kaline da Silva Nascimento¹; Cristine Agrine Pereira dos Santos Rodrigues¹; Elizanilda Ramalho do Rêgo¹.

¹Universidade Federal da Paraíba, CCA- Campus II. E-mail: elisandra484@gmail.com

Uma das formas mais eficientes de acelerar os programas de melhoramento de plantas é por meio da tecnologia de duplo-haploides (DH). Os embriões haploides derivados de ovários não-fertilizados, são convertidos em plantas homozigotas, as quais posteriormente, são cruzadas para produção de híbridos. Assim, o presente trabalho objetivou induzir a formação de plantas haplóides em cebola (*Allium cepa* L.) a partir de botões florais não-fertilizados submetidos a diferentes reguladores de crescimento de plantas. Para isso, botões florais não-fertilizados da cultivar IPA-12, foram inoculados *in vitro* em meio BDS suplementado com 100 g.L⁻¹ de sacarose, 200 mg.L⁻¹ de prolina, 500 mg.L⁻¹ de mioinositol, 10 mg.L⁻¹ de sulfato de adenina e vitaminas B5, pH ajustado para 5,8, antes da adição de 6 g.L⁻¹ de ágar, em seguida, autoclavado por 15 minutos a 121°C, e sob diferentes combinações dos reguladores de crescimento 2,4D e BAP: T0 = 0 mg.L⁻¹ de BAP + 0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T1 = 0 mg.L⁻¹ de BAP + 1,0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T2 = 0 mg.L⁻¹ de BAP + 2,0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T3 = 1,0 mg.L⁻¹ de BAP + 0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T4 = 1,0 mg.L⁻¹ de BAP + 1,0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T5 = 1,0 mg.L⁻¹ de BAP + 2,0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T6 = 2,0 mg.L⁻¹ de BAP + 0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T7 = 2,0 mg.L⁻¹ de BAP + 1,0 mg.L⁻¹ de 2,4D; T8 = 2,0 mg.L⁻¹ de BAP + 2,0 mg.L⁻¹ de 2,4D. Foram inoculados 20 botões florais em cada placa de Petri (90mm x 15mm). Os embriões e calos formados foram coletados e transferidos para meio MS meia força, suplementado com 1,0 mg.L⁻¹ de AIB + 1,0 mg.L⁻¹ de KIN. Após 3-4 semanas, as plântulas foram transferidas para substrato comercial PlantMax® para aclimatização. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, os tratamentos consistiram na combinação de doses de 2,4 D e BAP, totalizando 8 tratamentos. Variáveis analisadas: Número de explantes que formaram calos; Taxa de formação de calos (%); Número de explantes que formaram brotos; Taxa de formação de brotos. Foram determinadas as porcentagens de calos e brotos. Os dados foram analisados utilizando ANOVA e quando houve diferenças significativas as médias foram comparadas pelo teste Tukey ao nível de 5% de probabilidade. A produção de calos foi observada com 4-5 semanas de cultura. Ao todo foram formados 411 calos e 69 embriões, correspondendo a 22,83% e 5,4%, respectivamente. O tratamento T7=2,0 mg.L⁻¹ de BAP + 1,0 mg.L⁻¹ de 2,4-D foi responsável pela maior formação de calos, enquanto que o meio sem adição de auxina e citocinina proporcionou maior taxa de embriões.

Palavras-chave: *Allium cepa*; indução de haploides; *in vitro*.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao CNPq e à CAPES pelas bolsas concedidas aos mesmos.



PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES DE SEMENTES DE *Ormosia discolor* SOB DIFERENTES CONDIÇÕES AMBIENTAIS

Helinara Lais Vieira Capucho^{1*}; Maria Teresa Gomes Lopes¹; Manuel de Jesus
Vieira Lima Junior¹; Mágnio Sávio Ferreira Valente²; Angela Maria da Silva
Mendes¹; Graciela Ines Bolzon Muniz³

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Instituto Federal do Amazonas. ³Universidade
Federal do Paraná. *laisrick21@gmail.com

A Amazônia detém em seu território um patrimônio inestimável de recursos genéticos, sendo *Ormosia discolor* Spruce ex Benth. uma árvore nativa, de rápido crescimento, e capacidade de nodulação ideal para plantios de reflorestamento, mas cujo potencial é conhecido apenas regionalmente devido a popularidade de suas sementes destinadas ao artesanato. O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos em caracteres de sementes de *O. discolor* sob diferentes condições ambientais e indicar matrizes superiores para compor lotes de sementes destinadas a recuperação de áreas degradadas. Foram coletadas sementes de 20 progênies selecionadas em uma população nativa no estado do Amazonas. Foram realizados três experimentos em diferentes condições ambientais no laboratório do Centro de Sementes/UFAM. O ambiente 1 foi realizado em temperatura constante de 30 °C. No ambiente 2, as sementes foram submetidas à temperatura de 35 °C. No ambiente 3, após 5 meses de congelamento, as sementes foram submetidas à temperatura de 30 °C. O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, com 20 progênies, 4 repetições e 25 sementes por parcela. Os caracteres de germinação avaliados foram porcentagem, índice de velocidade, tempo médio e índice de sincronização. Foram estimadas as variâncias e correlações genéticas e fenotípicas, herdabilidade no sentido amplo, ganho genético por seleção direta e coeficiente de repetibilidade para análises biométricas das sementes. As progênies apresentaram variabilidade genética significativa para a maioria dos caracteres avaliados. As condições ambientais com temperatura de 30 °C e 30 °C com teste de resistência ao congelamento obtiveram as maiores médias para porcentagem de germinação (60%) e menor tempo médio de germinação (6 dias). Altos valores de herdabilidade e acurácia (>90%) foram encontrados para a porcentagem de germinação em todas as condições ambientais, sendo possíveis ganhos indiretos satisfatórios aos demais caracteres avaliados devido as correlações significativas e favoráveis à seleção. As matrizes 2, 7 e 16 foram superiores para os caracteres de germinação em todas as condições testadas, sendo indicadas para programas de conservação, melhoramento e produção de mudas. Dezoito sementes de *O. discolor* são suficientes para a realização das análises biométricas com acurácia mínima de 95% na seleção de genótipos superiores.

Palavras-chave: espécie nativa; sementes; seleção genética.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro.



AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Coffea canephora* COM BASE NA MATURAÇÃO E TAMANHO DOS FRUTOS

Luina Ribeiro Noia^{1*}; Iasmine Ramos Zaidan¹; Valderson Cabral de Arruda¹;
Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. *noia.luina@gmail.com

A homogeneidade de maturação dos frutos de café é fundamental para a organização da colheita, seja ela manual ou mecânica, visto que, atualmente, um dos gargalos da cafeicultura, é a falta de mão-de-obra. Ademais, genótipos que produzam frutos maiores são interessantes para garantir elevada qualidade e produtividade. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o grau de maturação e o tamanho de grãos de 50 genótipos de café conilon, atribuindo-se notas através de análise visual, com o intuito de discriminar as classes de maturação desses materiais com grãos maiores. A lavoura foi implantada em Mimoso do Sul - ES (21°03'50"S 41°21'57"W) em abril de 2018 e as mudas são provenientes de sementes de lavouras seminais antigas do sul do Espírito Santo, local de provável maior variabilidade desta espécie. Estas plantas foram acompanhadas por um período de quatro anos para garantir que não compartilhassem material genético com variedades comerciais, teriam que ser oriundas de sementes e estes materiais não poderiam ter sido estudados anteriormente. Estes requisitos foram adotados para confirmar a alta variabilidade genética e garantir que se tratava de genótipos inéditos. A análise visual da maturação dos frutos foi feita com uma escala de notas: nota 1: superprecoce, 2: precoce, 3: intermediária, 4: tardias, 5: supertardias. Para o tamanho dos grãos, utilizou-se uma escala de notas de 1 a 5, em que a nota 1 correspondia a grãos pequenos e nota 5, grãos grandes. Foram feitas análises estatísticas descritivas e os genótipos foram agrupados em cinco classes distintas de acordo com a maturação dos grãos e estas notas foram relacionadas com o tamanho de grãos. Houve grande variabilidade genética para as características avaliadas, com plantas superprecoces, precoces, intermediárias, tardias e supertardias, com grãos pequenos, médios e grandes, dentro desta população. O genótipo 53 foi classificado como superprecoce com tamanho de grão igual a 5, os genótipos 62, 59 e 164_7 também receberam esta classificação, porém com tamanho de grão igual a 4. Os genótipos 164_4, 104, 103 e 203_2 foram classificados com maturação intermediária e grãos de tamanho 5. Finalmente, os genótipos G40, 189_2 e G123, classificados como supertardios, receberam nota igual a 5 para tamanho de grão. Estes resultados possibilitam a seleção de genótipos superprecoces, intermediários e supertardios com grãos maiores, possibilitando o emprego direto destes ou em programas de melhoramento genético, visando o escalonamento do plantio como alternativa para a escassez de mão-de-obra na época da colheita.

Palavras-chave: café conilon, recursos genéticos, precocidade

Agradecimentos: CNPq; CAPES; FAPES; UFES.



ESTABELECIMENTO E MULTIPLICAÇÃO *in vitro* DE *Echinochloa polystachya* (KUNTH) HITCHC.

Emanuel Orestes da Silveira^{1*}; Ricardo Lopes²; Filipe Almendagna Rodrigues³; Marcelo Domingues Martins Raizer²; Fabio Jacobs Dias¹; Pamela Keiko Harada²; Moacir Pasqual³; Maria Teresa Gomes Lopes¹

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Embrapa Amazônia Ocidental. ³Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor apresentador: emanuelufam@gmail.com

O estabelecimento de protocolo para a micropropagação de *Echinochloa polystachya* (canarana) pode contribuir para rápida multiplicação de genótipos de interesse, por exemplo, genótipos selecionados para alta produção e palatabilidade, regeneração e multiplicação de genótipos submetidos a tratamentos mutagênicos, experimentos de transformação de plantas, entre outros estudos que necessitem de plantas obtidas em condições assépticas. No entanto, até o presente momento não se encontram registros de estudos para o desenvolvimento de protocolos de micropropagação para canarana. Considerando o potencial de aplicação da micropropagação para essa cultura, o objetivo do trabalho foi realizar o estabelecimento *in vitro* de *E. polystachya* visando a obtenção de protocolo de micropropagação para trabalhos que envolvam seleção de genótipos superiores e o cultivo da espécie. Colmos de *E. polystachya* foram coletados no município de Manaus-AM. Explantes foram inoculados em tubos de ensaio contendo meio MS. Após trinta dias do estabelecimento *in vitro*, a taxa de brotação e contaminação foram avaliadas. Experimentos também foram realizados para avaliar os efeitos das concentrações de sacarose e BAP sobre a taxa de perfilhamento dos explantes. Constatou-se que no decorrer das sucessivas repicagens houve a diminuição dos internódios e a consequente perda do vigor. Houve respostas na taxa de multiplicação em concentrações a partir de 45 g L⁻¹ de sacarose. Além disso, o BAP e a sacarose interferiram no desenvolvimento e multiplicação *in vitro*. A sacarose, em conjunto com o BAP, foi prejudicial e encurtou os entrenós. O estado fisiológico dos explantes para a espécie em estudo foi intrinsecamente atrelado às concentrações de sacarose utilizadas para o meio de cultivo e as concentrações de BAP. No entanto, as concentrações de sacarose e BAP sugeridos para o cultivo *in vitro* de *E. polystachya* devem ser ajustados no decorrer das sucessivas repicagens. Ausência de contaminações no estabelecimento *in vitro* ocorreu nas concentrações 15, 30 e 60 g L⁻¹ de sacarose. A concentração de 1,5 mg L⁻¹ de BAP e 30 g L⁻¹ de sacarose promoveram maior indução de brotações. O enraizamento *in vitro* de *E. polystachya* foi de 45%.

Palavras-chave: cultura de tecidos; micropropagação; canarana.

Agradecimentos: Aos Laboratórios de Cultura de Tecidos da Embrapa Amazônia Ocidental e da Universidade Federal de Lavras.



INFLUÊNCIA DE BIOCIDAS NA FORMAÇÃO DE BROTO DE MELANCIEIRA *IN VITRO*

Larisse Romero Larangeira^{1*}; Adriana da Luz Barros²; Nataniel Franklin de Melo³; Manoel Abílio de Queiróz⁴

¹Universidade Estadual de Feira de Santana – UEFS. ²Universidade Federal do Vale do São Francisco – UNIVASF. ³Embrapa Semiárido. ⁴Universidade do Estado da Bahia – UNEB. *larisse_llarangeira@hotmail.com

A melancia (*Citrullus lanatus* [Thunb.] Matsum & Nakai) é uma olerícola cultivada em todas as regiões do Brasil, com destaque para Nordeste e Sul que são as principais regiões produtoras. Cultivos no Brasil, geralmente utilizam cultivares de origem americana e japonesa, sendo essas, susceptíveis a diversos estresses bióticos. O cultivo *in vitro* é uma ferramenta valiosa nos trabalhos de melhoramento, permitindo obtenção de cópia perfeita de plantas avaliadas com métodos destrutivos, obtenção de progênes de plantas partenocárpicas, multiplicação de plantas em larga escala, menor tempo e em espaço físico reduzido, podendo ser clones ou não. Com isso, o presente trabalho objetivou otimizar um protocolo eficiente para a multiplicação *in vitro* de melancia, analisando o efeito de duas cultivares sob diferentes esterilizações do meio de cultura. Os experimentos foram realizados no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Semiárido, em Petrolina – PE, onde os segmentos nodais de duas cultivares de melancia (Charleston Gray e Crimson Sweet) cultivadas em casa de vegetação foram coletados e submetidos à assepsia na câmara de fluxo laminar, inicialmente com álcool 70° (1 min), seguida de solução de Kasumin a 10% (20 min) e lavados três vezes com água destilada e autoclavada. Após a assepsia, os segmentos foram inoculados em tubos de ensaio contendo 20 ml L⁻¹ de meio de cultura MS, com 30 g L⁻¹ de sacarose; 1,5g L⁻¹ de 6-benzilaminopurina; 1,5g L⁻¹ de giberelina e esterilizado por três métodos diferentes: 1º testemunha (meio autoclavado a 121 °C, por 20 minutos); 2º meio autoclavado com PPMTM - Plant Preservative Mixture (foi adicionado 2 ml L⁻¹ PPMTM antes do meio ir para a autoclave); 3º meio esterilizado quimicamente com hipoclorito de sódio. Adotou-se o esquema fatorial 2 (duas cultivares) x 3 (meios de esterilização). As culturas foram mantidas na sala de crescimento com temperatura, umidade relativa e fotoperíodo controlados em delineamento inteiramente casualizado com dez repetições. Realizou-se duas avaliações: 30 e 60 dias, verificando-se o número de brotos e comprimento dos brotos. Conclui-se que as duas cultivares analisadas tiveram um bom desempenho no cultivo *in vitro* e a técnica de esterilização com PPMTM adicionado ao meio de cultura proporcionou melhor desempenho para as duas cultivares, sendo, portanto, a técnica mais indicada para propagação *in vitro* de melancia.

Palavras-chave: multiplicação; assepsia; biotecnologia

Agradecimentos: À CAPES, ao CNPq, à UEFS e à Embrapa Semiárido.



PARÂMETROS GENÉTICOS DE SUBMOSTRAS DE SACHA INCHI CULTIVADAS NO ESTADO DO AMAZONAS

Mágno Sávio Ferreira Valente¹; Maria Teresa Gomes Lopes²; Francisco Célio Maia Chaves³; Jennifer Souza Tomaz²

¹Instituto Federal do Amazonas. ²Universidade Federal do Amazonas. ³Embrapa Amazônia Ocidental. *

Sacha inchi (*Plukenetia volubilis* L.) é uma espécie amazônica e suas sementes têm sido explorada por indústrias peruanas na produção de óleo. Embora a composição e as propriedades de sachá inchi sejam relativamente bem conhecidas e o seu cultivo já tenha expandido para a região do Alto Solimões (AM), são escassas as informações na literatura que facilitem a identificação e seleção de genótipos superiores. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos relacionadas aos frutos e sementes de sachá inchi. Um total de 37 subamostras da espécie foram avaliadas em blocos casualizados com 5 repetições e 2 plantas por parcela durante 19 meses, na Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus - AM. Colheitas mensais avaliaram o número total de frutos, número total de sementes, peso total de frutos, peso médio de frutos e número de sementes por fruto das subamostras. Foi realizada a análise conjunta dos dados considerando cada mês como um novo ambiente. As análises estatísticas foram realizadas pelo programa Genes. Foram constatadas diferenças significativas pelo teste F, ao nível de 1% de probabilidade para todos os caracteres, o que evidencia a presença de variabilidade entre os genótipos avaliados. O efeito significativo da interação Genótipo e Ambiente (Colheitas) indicou heterogeneidade no comportamento dos genótipos frente aos diferentes ambientes da qual os dados foram coletados, a única exceção foi o caractere número de sementes por fruto, que apresentou efeito não significativo para a interação em questão. A colheita dos frutos e sementes de sachá inchi foi feita mensalmente obtendo valores médios de aproximadamente 7 frutos, 27 sementes e um peso de 24,3 g de fruto por planta, o que representa um peso médio dos frutos de 3,36 g e um número médio de 3,82 sementes por fruto. Altos coeficientes de variação foram registrados para os caracteres número total de frutos (84,35%), número total de sementes (83,35%) e peso total de frutos (91,76%), indicando forte influência ambiental. No entanto, estes valores foram acompanhados de elevado coeficiente de variação genético (45%), reduzindo, assim, a magnitude do efeito ambiental que atua sobre os genótipos. As estimativas do valor máximo da herdabilidade foram consideradas de alta magnitude (>75%) para todos os caracteres, o que torna viável a seleção de materiais genéticos superiores.

Palavras-chave: *Plukenetia volubilis* L.; Amazônia; herdabilidade.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) pelo apoio financeiro.



PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES DE SEMENTES E CRESCIMENTO INICIAL DE MUDAS DE *Ormosia excelsa* Benth

Jennifer Souza Tomaz^{1*}; Maria Teresa Gomes Lopes¹; Mágnio Sávio Ferreira Valente²; Manuel de Jesus Vieira Lima Júnior¹; Graciela Inês Bolzón de Muniz³; Sulianne Idalior Paião Rosado¹

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Instituto Federal do Amazonas. ³Universidade Federal do Paraná. *jennifertomaz14@gmail.com

Grandes mudanças no clima do nosso planeta ocorreram nos últimos anos, sendo consideradas rápidas e sem precedentes históricos. Desta forma, se faz necessário conhecer as espécies florestais e como o aumento de temperatura influenciará no processo de germinação. Considerada uma planta medicinal amazônica, *Ormosia excelsa* é uma espécie florestal nativa e por estar inserida em ambiente de igapó, tem sido indicada para a recuperação de mata ciliar. Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos de sementes de *O. excelsa* com base em caracteres de germinação, sob diferentes temperaturas, a fim de viabilizar a seleção de matrizes superiores para a coleta de sementes e produção de mudas. Foram avaliadas 26 progênies da espécie, coletadas no município de Autazes - AM. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com 4 repetições e 25 sementes por parcela, totalizando 100 sementes por progênie. Foram determinados a porcentagem de germinação, o tempo médio de germinação, e os índices de sincronização e velocidade de germinação sob temperaturas de 30 e 35 °C. Além disso, foi avaliado o desenvolvimento das plântulas em condições de viveiro. As progênies de *O. excelsa* apresentaram variabilidade genética significativa para todos os caracteres. A germinação se iniciou entre 1 e 4 dias após semeadura. Ambas as temperaturas avaliadas se mostraram apropriadas com uma porcentagem de germinação próxima a 87%. No entanto, a seleção de progênies superiores deve apresentar maior eficiência se realizada para cada ambiente. A obtenção de altos valores de herdabilidade (> 65%), assim como a presença de alta correlação genética no sentido favorável à seleção, entre todos os caracteres, possibilitam ganhos expressivos de acordo com o processo seletivo adotado. Em geral, as progênies 7 e 9 se destacaram em todos os ambientes, apresentando características ótimas no teste de germinação e bom desenvolvimento de plântulas nas condições de viveiro. A avaliação da altura e do número de folhas das mudas se mostrou mais vantajosa ao ser realizada em etapas iniciais de desenvolvimento, uma vez que não houve interação entre os genótipos e as avaliações realizadas.

Palavras-chave: Teste de progênie; espécie florestal nativa; ganho de seleção.

Agradecimentos: Nossos agradecimentos à Agência Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo financiamento deste estudo.



MANDIOCAS DE INDÚSTRIA EM ÁREA DE CERRADO DE RORAIMA NA SAFRA 2018/2019

Everton Diel Souza^{1*}

¹Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa;

*everton.souza@embrapa.br

A Embrapa Roraima começou em 2009, a participar de um projeto de rede de mandioca de indústria, também conhecida como mandioca ou mandioca brava, a qual é bastante cultivada no estado, sendo destinada notadamente a fabricação de farinha e goma. No projeto que tem abrangência nacional, participam cultivares introduzidas dos Bancos de Germoplasma das Embrapas de Cruz das Almas-BA, Manaus-AM e Planaltina-DF, além de cultivares coletadas localmente que atuam como testemunhas para comparação de comportamento. As avaliações consistem em ensaios com repetições, no ecossistema de Cerrado para melhor caracterização dos materiais adaptados. Até o momento já foram recomendadas cinco cultivares de mandioca de indústria para plantio em Roraima. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar o comportamento de cultivares de mandioca de indústria em área de Cerrado de Roraima. Foram avaliadas 13 cultivares na safra 2018/2019: Amansa Burro, Amarelona, BRS Aramaris, BRS Formosa, BRS Guaíra, BRS Kiriris, BRS Mulatinha, BRS Prata, Clone 3, Clone 98150-06, IAC 12, Inajazinha e Jacona. Os genótipos foram avaliados em delineamento de blocos casualizados com três repetições e a colheita foi realizada aos 13,5 meses do plantio. Por ocasião da colheita foram realizadas as medições dos dados de altura de plantas, da produção de raízes, do peso da parte aérea e do teor de matéria seca e de amido das raízes. Com os dados da produção total de raízes e da porcentagem de amido de cada cultivar foram obtidas as médias de produtividade de amido e convertidas em toneladas por hectare. As médias foram comparadas estatisticamente pelo teste de Skott e Knott a 5% de probabilidade. As cultivares mais altas foram a BRS Prata (4,07 m) e Amarelona (3.69 m). As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso total de raízes foram a BRS Formosa (42,6 t.ha⁻¹), BRS Kiriris (40,8 t.ha⁻¹), Amarelona (38,0 t.ha⁻¹), Clone 98150-06 (36,0 t.ha⁻¹), IAC 12 (35,6 t.ha⁻¹), BRS Mulatinha (35,2 t.ha⁻¹) e Clone 3 (30,9 t.ha⁻¹) que não diferiram estatisticamente entre si. As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso da parte aérea foram a BRS Mulatinha (57,5 t.ha⁻¹), BRS Kiriris (56,8 t.ha⁻¹), BRS Guaíra (53,1 t.ha⁻¹) e BRS Prata (52,6 t.ha⁻¹) não diferindo estatisticamente entre si. As maiores produções de amido em toneladas por hectare foram das cultivares BRS Formosa (13,3 t.ha⁻¹), BRS Kiriris (13,0 t.ha⁻¹), Amarelona (11,5 t.ha⁻¹), Clone 98150-06 (11,3 t.ha⁻¹), IAC 12 (11,3 t.ha⁻¹) e BRS Mulatinha (10,3 t.ha⁻¹) que não diferiram significativamente entre si. As cultivares BRS Formosa, BRS Kiriris e BRS Mulatinha recém recomendadas para plantio em Roraima ficaram entre as mais produtivas, incluindo as cultivares Amarelona e Clone 98150-06 que mostraram-se promissoras para indicação de plantio em área de Cerrado no estado.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; mandioca brava; produtividade de amido



MANDIOCAS DE MESA EM ÁREA DE CERRADO DE RORAIMA NA SAFRA 2018/2019

Everton Diel Souza^{1*}

¹Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa;

*everton.souza@embrapa.br

A partir de 2009, a Embrapa Roraima iniciou um trabalho num projeto de rede de mandioca de mesa, também conhecida como macaxeira, mandioca mansa ou aipim, a qual é bastante cultivada no estado, sendo destinada notadamente ao consumo in natura. No projeto que tem abrangência nacional, participam cultivares introduzidas dos Bancos de Germoplasma das Embrapas de Cruz das Almas-BA, Manaus-AM e Planaltina-DF, além de cultivares coletadas no estado que atuam como testemunhas para comparação de comportamento. Até o momento já foram recomendadas cinco cultivares de mandioca de mesa para plantio em Roraima. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar o comportamento de cultivares de mandioca de mesa em área de Cerrado de Roraima. Foram avaliadas 12 cultivares na safra 2018/2019: Aciolina, Aipim Brasil, Aipim Manteiga, Branquinha, BRS Dourada, BRS Gema de Ovo, Conquista 2, Manteiga, Folha Fina, Pioneira, Retrói e Roxona. Os genótipos foram avaliados em delineamento de blocos casualizados com três repetições e a colheita foi realizada aos 10 meses do plantio. Por ocasião da colheita foram realizadas as medições dos dados de produção incluindo-se a produção de raízes, o peso das raízes com tamanho comercial (média de 30 cm de comprimento e entre 4 e 5 cm de diâmetro) e o teor de matéria seca e de amido das raízes. Com os dados da produção total de raízes e da porcentagem de amido de cada cultivar foram obtidas as médias de produtividade de amido e convertidas em toneladas por hectare. As médias foram comparadas estatisticamente pelo teste de Skott e Knott a 5% de probabilidade. As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso de raízes comerciais foram a Branquinha (38,9 t.ha⁻¹), BRS Gema de Ovo (35,2 t.ha⁻¹), Manteiga (29,7 t.ha⁻¹), Pioneira (28,8 t.ha⁻¹) e Roxona (28,2 t.ha⁻¹) que não diferiram estatisticamente entre si mas, ficaram acima da média do experimento que foi de 27,2 t.ha⁻¹. As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso total de raízes foram a Branquinha (47,3 t.ha⁻¹), Manteiga (46,3 t.ha⁻¹), BRS Gema de Ovo (43,1 t.ha⁻¹), Roxona (40,0 t.ha⁻¹), Aipim Manteiga (39,1 t.ha⁻¹), Pioneira (39,0 t.ha⁻¹) e Aciolina (37,4 t.ha⁻¹) não diferindo estatisticamente entre si e apresentando produtividades acima da média do experimento que foi de 36,8 t.ha⁻¹. As maiores produções de amido em toneladas por hectare foram das cultivares Branquinha (13,4 t.ha⁻¹), BRS Gema de Ovo (12,5 t.ha⁻¹), Manteiga (12,2 t.ha⁻¹), Folha Fina (10,5 t.ha⁻¹), Aciolina (10,4 t.ha⁻¹) e Pioneira (10,4 t.ha⁻¹) que não diferiram significativamente entre si. A cultivar BRS Gema de Ovo recém recomendada para plantio em Roraima ficou entre as mais produtivas, incluindo as cultivares Branquinha, Manteiga, Roxona e Aipim Manteiga que mostraram-se mais promissoras para indicação de plantio em área de Cerrado no estado.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; macaxeiras; produtividade de amido



EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS E DE DOMINÂNCIA EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus urophylla* S.T. BLAKE

Silvelise Pupin^{1*}; José Carlos de Oliveira Junior¹; Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota¹; Alonso Ângelo da Silva¹; Bruno Ettore Pavan¹; Marcela Aparecida de Moraes²; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira.

²Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Biociências, Botucatu. *E-mail do autor apresentador: silvelise.pupin@gmail.com

Conhecer o controle genético de um caráter é importante na avaliação dos recursos genéticos para sustentar estratégias de seleção em programas de melhoramento. Identificar a predominância de efeitos genéticos aditivos e de dominância, auxilia no direcionamento da seleção de indivíduos para reprodução sexuada ou propagação vegetativa. Diante disso, o objetivo foi averiguar a associação entre efeitos genéticos aditivos e de dominância em indivíduos selecionados em uma população de melhoramento. Para tanto, utilizou-se um teste de progênies (TP) de *E. urophylla*, instalado em dezembro de 2009, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, localizada em Selvíria-MS. O TP constitui parte do Programa Cooperativo de Melhoramento Florestal do IPEF, que agregou 167 progênies de polinização aberta. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com cinco repetições e cinco plantas por parcela, no espaçamento 3,0 × 2,5 m. Aos 9,5 anos após o plantio foi mensurado o diâmetro a altura do peito (DAP, cm). Os parâmetros genéticos foram obtidos com base na metodologia REML/BLUP, aplicando-se o procedimento para avaliação de indivíduos em progênies de meias-irmãs, em um local e várias observações por parcela. O coeficiente de correlação de Spearman entre os efeitos genéticos aditivos e de dominância, foi calculado com base na seleção de 500 indivíduos (considerando 30% de intensidade), para grupos de 50 indivíduos, de acordo com o posicionamento (1 a 500). Entre os indivíduos selecionados, a correlação de Spearman foi mediana (0,588). Para os 50 melhores indivíduos, a correlação foi de alta magnitude e significativa (0,807). Entre as posições 51° e 100°, 101° e 150° e 151° e 200°, as correlações foram regulares (0,310 a 0,421) e significativas. No entanto, a partir da posição 201°, os coeficientes de correlação foram de baixa magnitude e não significativos, a indicar maiores desordens em termos de posicionamento dos indivíduos quanto aos efeitos aditivos e de dominância. Dessa forma, é possível capitalizar os efeitos para reprodução sexuada (aditivos) e assexuada (dominância) com a seleção dos 200 melhores indivíduos. Assim, esse conjunto de indivíduos permite estabelecer estratégias voltadas para formação de um pomar de sementes por mudas e, no futuro, poderão ser indicados para propagação vegetativa.

Palavras-chave: melhoramento florestal; propagação vegetativa; seleção de indivíduos.



PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE *Eucalyptus urophylla* S.T. BLAK NO BOLSÃO SUL MATO GROSSENSE.

José Carlos de Oliveira Junior¹; Daniele Fernanda Zulian¹; Darlin Ulisses Gonzales Zaruma¹; Paulo Henrique Muller da Silva²; Silvelise Pupin¹, Keller Barbosa de Lima, José Cambuim¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes.^{1*}

¹Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Unesp; ²IPEF - Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais; *ze0897@gmail.com

O eucalipto vem obtendo grandes progressos em sua expansão no estado do Mato Grosso do Sul, atualmente é o terceiro maior estado produtor florestal de eucalipto, desse modo, o

trabalho verificou a variação genética para os caracteres de crescimento em progênies de segunda geração de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blak no Bolsão Sul Mato Grossense. O teste foi instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão - FEPE / Unesp - Selvíria -MS, em dezembro de 2019, com delineamento experimental de blocos ao acaso, o primeiro com 5 repetições, quatro plantas por parcela (Exp 1) e o segundo com 4 repetições de uma planta por parcela (Exp 2), ambos no espaçamento de 3,0 x 1,5 m. Os experimentos são compostos por mudas oriundas do IPEF do horto Florestal de Itatinga com 104 progênies. Aos quatro meses de idade foi avaliada a altura total das plantas e a sobrevivência. Os parâmetros genéticos foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP). Uma análise conjunta foi realizada para verificar a significância entre os experimentos. Os indivíduos de *E. urophylla* apresentaram boa adaptação na região com 96% de sobrevivência e média de altura de 3,09 metros. Houve diferença significativa entre as progênies, pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) para variável altura, apenas no Exp 1, indicando a possibilidade de se obter ganhos em uma eventual seleção precoce. Os coeficientes de herdabilidade, em nível individual e média de progênie foram de 0,29, 0,06 e 0,53, 0,06 para Exp 1 e 2, respectivamente. Os coeficientes de variação genética em nível individual e de progênies foram maiores no Exp 1 (12,7% e 6,3%) em relação ao Exp 2 (6,8 % e 3,6%). A acurácia foi considerada alta (0,72) para o Exp 1 e baixa (0,12) para o Exp 2. Evidenciando a importância do número de repetições em experimentos de uma planta por parcela. Existe diferença significativa entre os experimentos em nível de 1% de probabilidade pelo teste de qui-quadrado pela análise conjunta. O teste de progênie de segunda geração apresenta variação genética para o caráter altura e pelos valores de herdabilidade pode se realizar a seleção precoce no Exp 1 para que no futuro possa suprir a necessidade de informações sobre a adaptação edafoclimáticas e desempenho de *Eucalyptus urophylla* contribuindo para conservação genética e futuros programas de melhoramento para a espécie.

Palavras-chave: Melhoramento Florestal; Produção Florestal, Seleção precoce.

Agradecimentos: Ao Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais (IPEF), a Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/UNESP), e a FAPESP (Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de São Paulo) projeto nº2020/02059-6.



VARIAÇÃO GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Schizolobium parahyba* (VELLOZO) NO BOLSÃO SUL MATOGROSSENSE.

José Carlos de Oliveira Junior¹; Daniele Fernanda Zulian¹; Francieli Alves Caldeira Saul¹; Keller Barbosa de Lima¹; Marília Gabriela Pereira¹; José Cambuim¹; Alonso Angelo da Silva¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes.^{1*}

¹Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Unesp; *ze0897@gmail.com

No gênero *Schizolobium* destacam-se duas espécies (*Schizolobium parahyba* var. *parahyba* e *Schizolobium parahyba* var. *amazonicum*) com grande potencial madeireiro e silvicultural, onde na atualidade os plantios da espécie somam cerca de 590 mil hectares, e a sua maior concentração está na região amazônica. Existe poucas informações e estudos sobre o melhoramento genético e seus parâmetros genéticos. Desse modo, o presente trabalho verificou a variação genética para os caracteres de crescimento em progênies de *Schizolobium parahyba* na região de Selvíria-MS. As sementes foram coletas de 30 municípios do sudoeste Paulista oriundas de 80 progênies. O experimento foi instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/Unesp) em dezembro de 2019. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com 80 tratamentos (progênies), dez repetições e uma planta por parcela, no espaçamento de 3,0 m X 3,0 m. Aos nove meses de idade foi mensurado a altura total das plantas (ALT) e o diâmetro a altura do peito (DAP) e avaliada a sobrevivência (SOB). Os parâmetros genéticos foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP). A taxa de sobrevivência apresentada foi alta (98%) e a média de altura (2,08 m) e o DAP (5,04cm) caracterizando um bom desempenho inicial das diferentes progênies e uma ótima taxa de adaptação as condições edafoclimáticas da região. Existe diferença significativa entre as progênies para as variáveis (ALT) e (DAP) em nível de 1% de significância-pelo teste de qui-quadrado. Para as variáveis o coeficiente de herdabilidade, em nível individual foi de 0,33 (ALT) e 0,37 (DAP). O coeficiente de herdabilidade, em nível de média de progênies foi de 0,46 (ALT) e 0,51 (DAP). A acurácia foi moderada (0,68) ALT e (0,71) para DAP. Os coeficientes de variação genética em nível individual e de progênies foram de 25,88% e 19,94% (ALT), 18,23 e 9,11% (DAP). As progênies de *Schizolobium parahyba* apresentam ótima sobrevivência na região do Bolsão sul-matogrossense e a variação genética expressa para a Altura e o DAP é um indicativo de uma população com base genética ampla, para caracteres de crescimento e possibilidade de utilização da seleção precoce, porém ainda são necessárias mais avaliações até os três anos.

Palavras-chave: Conservação Genética, Melhoramento Florestal, Guapuruvu.

Agradecimentos: A Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/UNESP), e a FAPESP (Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de São Paulo) projeto nº2020/02059-6.



USO DE BIOCIDAS NA ESTERELIZAÇÃO DO MEIO DE CULTURA NO CULTIVO *IN VITRO* DE MELANCIEIRA

Larisse Romero Larangeira^{1*}; Adriana da Luz Barros²; Nataniel Franklin de Melo³; Manoel Abílio de Queiróz⁴

¹Universidade Estadual de Feira de Santana – UEFS. ²Universidade Federal do Vale do São Francisco - UNIVASF. ³Embrapa Semiárido. ⁴Universidade do Estado da Bahia – UNEB. *larisse_llarangeira@hotmail.com

A cultura de tecidos tem se mostrado uma técnica cada vez mais promissora para os programas de melhoramento genético de melancia, pois além de oferecer suporte aos métodos convencionais de melhoramento auxilia no fornecimento de material de plantio saudável. No entanto, o sucesso dessa técnica depende do desenvolvimento de um protocolo eficiente para o genótipo que se deseja estudar, pois vários fatores influenciam o cultivo *in vitro*, sendo a etapa de estabelecimento crucial devido à dificuldade de se obter material livre de patógenos. Assim, o objetivo deste trabalho foi desenvolver um protocolo eficiente para o estabelecimento *in vitro* de duas cultivares de melancia (*Citrullus lanatus* [Thunb.] Matsum & Nakai), avaliando o efeito de diferentes tipos de esterilização do meio de cultura. As melancieiras foram cultivadas em casa de vegetação, onde os segmentos apicais foram coletados e levados ao Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Semiárido, em Petrolina – PE. Na câmara de fluxo laminar, estes foram submetidos à assepsia com álcool 70° durante um minuto, seguida de solução de Kasumin a 10%, por 20 minutos e lavados três vezes com água destilada e autoclavada. Após a assepsia, os segmentos foram inoculados em tubos de ensaio contendo 20 ml L⁻¹ de meio de cultura MS, com 30 g L⁻¹ de sacarose; 1,5g L⁻¹ de 6-benzilaminopurina; 1,5g L⁻¹ de giberelina e esterilizado por três métodos diferentes: 1º testemunha (o meio foi apenas autoclavado a 121°C, por 20 minutos); 2º meio autoclavado com PPM™ - Plant Preservative Mixture (adicionou-se 2 ml L⁻¹ PPM™ antes do meio ir para a autoclave); 3º meio esterilizado quimicamente com hipoclorito de sódio. Adotou-se o esquema fatorial 2x3, onde avaliou-se duas cultivares (Charleston Gray [CG] e Crimson Sweet [CS]) e três métodos de esterilização do meio citados anteriormente). As culturas foram mantidas na sala de crescimento com temperatura, umidade relativa e fotoperíodo controlados em delineamento inteiramente casualizado com 10 repetições. Aos 30 dias avaliou-se a porcentagem de contaminação, observando-se que para a cultivar CG não houve diferença significativa entre os meios de cultura (25% de contaminação em todos), enquanto que para a CS o meio com PPM™ teve efeito significativo na redução da contaminação (4%). Comparando a eficiência das esterilizações do meio entre as cultivares o com PPM™ foi superior para a CS sendo o agente mais indicado para o cultivo *in vitro*.

Palavras-chave: assepsia; meio MS; PPM™

Agradecimentos: À CAPES, ao CNPq, à UEFS e à Embrapa Semiárido.



INCORPORANDO A INFORMAÇÃO A PRIORI NAS AVALIAÇÕES GENÉTICAS: UMA APLICAÇÃO NO MELHORAMENTO DA SOJA

Emanuel Ferrari do Nascimento^{1*}; Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista¹;
Suellen Sales de Oliveira Santos¹; Andreia Schuster¹; Igor Ferreira Coelho¹;
Marco Antônio Peixoto¹; Leonardo Lopes Bhering¹.

¹Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. E-mail do autor apresentador:

*emanuel.ferrari.nascimento@hotmail.com.

Principal leguminosa cultivada no Brasil, a soja (*Glycine max* (L.) Merrill) constitui uma das culturas agrícolas de maior importância socioeconômica no cenário da agricultura brasileira e mundial. Em se tratando de melhoramento genético, a inferência bayesiana (BI) permite incorporar informações prévias em um modelo misto para estimar componentes de variância e prever valores genéticos. No entanto, a adição de informações a priori no BI é uma ferramenta ainda pouco aplicada e que merece mais estudo, especialmente no melhoramento de plantas. Nesse contexto, objetivou-se comparar modelos a priori não informativos e informativos, bem como inferir sobre as vantagens da inclusão de prioris informativos na estimativa de componentes de variância e predição de valores genéticos em programas de melhoramento de soja. Os dados fenotípicos utilizados neste estudo referem-se à avaliação de 80 genótipos de soja em dez ambientes ao longo de três safras consecutivas (2012/2013, 2013/2014, 2014/2015). Para cada ano safra, assumindo antecedentes informativos e não informativos, os parâmetros foram estimados usando o algoritmo amostrador de Gibbs. As estimativas dos parâmetros (médias posteriores) de um ano-safra anterior foram utilizadas como informação prévia para o próximo ano-safra avaliado. A seleção do modelo com melhor ajuste aos dados foi feita pelo critério de informação de desvio - deviance information criterion (DIC). Os valores de DIC indicaram o modelo anterior não informativo como o melhor para a safra 2013/2014; ao passo que o modelo prior informativo foi indicado para a safra 2014/2015. A acurácia seletiva apresentou valores maiores para os modelos escolhidos pelo DIC para as duas safras. No entanto, os maiores intervalos de densidade posterior (HPD) foram reduzidos para todos os modelos que adotaram prioris informativos. Por outro lado, os resultados da acurácia seletiva variaram ao longo dos modelos ajustados. Portanto, a inclusão de informações na inferência bayesiana nem sempre é realizada para um melhor ajuste do modelo. Para incorporar informações a priori na análise da inferência bayesiana, fatores tais como a qualidade dos dados e confiabilidade das estimativas devem ser melhor estudados a fim de proporcionar a melhoria desejável do modelo.

Palavras-chave: *Glycine max*; inferência bayesiana; amostrador de Gibbs.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG.



CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA PARA O CARÁTER ALTURA EM PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* Fr. Allemão

José Cambuim^{1*}; Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota¹; Marcela Aparecida de Moraes²; Elton Moreira de Souza¹³; Júlio Cezar Ambrósio de Menezes¹; Darlín Ulises González Zaruma¹; Daniele Fernanda Zulian¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹Universidade Estadual Paulista, UNESP, Câmpus de Ilha Solteira, Faculdade de Engenharia.

²Faculdade de Ciências Agrônômicas/FCA-UNESP; ³Faculdades Integradas de Três Lagoas, AEMS. *E-mail josecambuim@hotmail.com.

Na área florestal, o teste de progênies ganha importante destaque, devido a suas contribuições nas estimativas de parâmetros genéticos das árvores matrizes com base nas progênies. A variável silvicultural de altura total de planta avalia as dimensões das árvores, sendo fundamental nas decisões estratégicas do melhoramento genético. Neste contexto, a espécie arbórea *Myracrodruon urundeuva*, pertencente à família Anacardiaceae, é popularmente conhecida como “aroeira”, possui ampla distribuição geográfica no Brasil, ocorrendo, também, na Argentina, Bolívia e Paraguai, apresenta grande valor comercial (madeira pesada), ornamental, apícola, forrageira, farmacológico e para reflorestamentos ambientais. O objetivo desta pesquisa foi estimar a variação genética a partir dos parâmetros genéticos estimados para a altura (ALT, m) em progênies de *M. urundeuva*. Foi utilizado um delineamento de blocos casualizados com 28 tratamentos (árvores matrizes) e três repetições. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas com base no procedimento REML/BLUP, via modelos lineares mistos. Foi mensurado a ALT em um teste de progênies, instalado em dezembro de 1989, localizado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/UNESP), no município de Selvíria - MS. Os resultados detectaram variação entre as progênies de *M. urundeuva* para ALT, aos 31 anos de idade em 2020. A média foi de 14,87 m, com herdabilidade, em nível de média de progênies alta ($\hat{h}_m^2 = 0,98$), sugerindo ganhos na seleção, o que foi corroborado no valor elevado de acurácia ($r_{aa}^2 = 0,99$), maior confiabilidade nas estimativas. A variação genética foi verificada nas progênies de *M. urundeuva* com valor de 26,91%, essa presença de variação auxilia na adaptação e sobrevivência das espécies. Assim, os resultados apresentados demonstraram que as progênies avaliadas são promissoras para serem utilizadas em programas de melhoramento florestal, com fins de produção ou restauração ecológica. Tais informações contribuem para ampliar o conhecimento sobre as espécies arbóreas nativas.

Palavras-chave: aroeira; melhoramento florestal; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, Faculdade de Engenharia, FEIS/UNESP. Associação de Recuperação Florestal do Pontal do Paranapanema, Pontal Flora.



INFERÊNCIA FISHERIANA E BAYESIANA NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE *JATROPHA CURCAS*

Emanuel Ferrari do Nascimento^{1*}; Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista¹; Suellen Sales de Oliveira Santos¹; Marco Antônio Peixoto¹; Igor Ferreira Coelho¹; Filipe Manoel Ferreira¹; Bruno Galvêas Laviola²; Leonardo Lopes Bhering¹.

¹Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. E-mail do autor apresentador: *emanuel.ferrari.nascimento@hotmail.com.

²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Agroenergia. Brasília, DF - Brasil.

Conhecida popularmente como pinhão-mansão, *Jatropha curcas* L. constitui uma espécie oleaginosa de grande potencial bioenergético. Os estudos genéticos utilizando dados longitudinais são essenciais no melhoramento de plantas perenes. Atualmente a inferência Fisheriana é a mais utilizada para as estimativas dos componentes de (co)variância e predição de valores genéticos, sendo menos comum a aplicação de análises Bayesianas para tal fim. O objetivo do presente trabalho foi verificar o desempenho das inferências Fisheriana e Bayesiana em dados longitudinais de progênies de *Jatropha curcas*. Setecentos e trinta indivíduos de 73 famílias de meio-irmãos foram avaliados para o caráter rendimento de grãos (kg planta⁻¹), ao longo de seis anos de safra. As inferências Fisheriana e Bayesiana foram utilizadas com diferentes estruturas de variância residual (homogênea e diagonal) e o ganho de seleção de cada abordagem foi calculado. Para a abordagem Bayesiana assumiu-se uma a priori não informativa. Os componentes de variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e Cadeia de Markov Monte Carlo (MCMC). Em ambas as inferências, foi selecionada a estrutura de variância residual heterogênea, e a variância genética apresentou significância ($p < 0,05$), permitindo a seleção das melhores progênies. A acurácia seletiva da inferência Bayesiana apresentou valores semelhantes aos da inferência Fisheriana. Também foram observadas semelhanças dos componentes de variância estimados pelos dois métodos. O intervalo de confiança e os valores de intervalos de densidade posterior (HPD) foram similares para os valores genéticos preditos, sendo que o HPD foi ligeiramente curto. Deve-se destacar as notáveis semelhanças nas magnitudes para todas as estimativas, incluindo o ganho de seleção. Essas similaridades eram esperadas, pois a inferência Bayesiana adotou distribuições a priori não informativas para efeitos sistemáticos e componentes de variância. Portanto, o estudo revelou a importância de testar a estrutura de variância residual e apontou que as análises Bayesiana e Fisheriana apresentam resultados semelhantes quando utilizam distribuições a priori não informativas. Assim, ambas as inferências podem ser aplicadas ao melhoramento genético de *Jatropha curcas*.

Palavras-chave: Priori não informativa; pinhão-mansão; bioenergia.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG.



VARIAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES E PROGÊNIES DE *ASTRONIUM URUNDEUVA* (M. ALLEMÃO) ENGL. (ANACARDIACEAE) DO CERRADO

Aparecida Juliana Martins Corrêa^{1*}; José Cambuim²; Patrícia Ferreira Alves²;
Mario Luiz Teixeira de Moraes²; Miguel Luiz Menezes Freitas³

¹UFSCar. ²UNESP. ³Instituto Florestal de São Paulo. *jumartinscorrea@gmail.com

Conservar a diversidade genética é importante para a manutenção da variabilidade, necessária à adaptação das espécies. Uma vez que *Astronium urundeuva* (M. Allemão) Engl. (Anacardiaceae) é conhecida e explorada graças à resistência da sua madeira, conhecer seus padrões de distribuição na paisagem se torna imprescindível para a conservação e manutenção do seu germoplasma, por conta do avanço das fronteiras agrícolas no Cerrado. O objetivo deste trabalho consistiu em caracterizar três populações de aroeira, oriundas de diferentes regiões, cujas progênies, duas procedentes do Cerrado e uma de área de transição Mata Atlântica-Cerrado, foram avaliadas para os principais caracteres de crescimento (altura, diâmetro à altura do peito, diâmetro de copa, qualidade de fuste e sobrevivência) e reprodutivo (razão sexual, tamanho efetivo), em suas diferentes idades de plantio, no ano de 2019, todas instaladas em Selvíria-MS. Foram obtidos parâmetros genéticos (variâncias, herdabilidades, coeficientes de variação), usando modelos com e sem covariável (por meio do Selegen REML/BLUP), a fim de também avaliar a eficiência dos modelos com relação à competição dos indivíduos. A sexagem foi determinada pela identificação dos indivíduos com florescimento. A partir dos resultados obtidos, fez-se seleção das melhores progênies por meio da avaliação de seleção junto aos genitores e correlação de Spearman, para confrontar efeitos aditivos e de dominância, e também utilização do índice Z, que permitiu compará-las, apesar das idades diferentes. Os modelos com covariável se mostraram pouco mais eficientes para todos os plantios (-1,58 a 34,94%), o que evidencia que, embora pequena, existe competição entre os indivíduos no campo; há desequilíbrio na razão sexual nas populações (1 fêmea : 2 machos), que pode estar relacionada tanto à distribuição espacial como às características ecológicas da espécie (e seleção sexual); poucas mães (uma a três, por população) foram superiores às progênies, indicativo de que, no ano fenológico de origem das progênies, os cruzamentos podem ter sido direcionados; houve correlação significativa entre os efeitos aditivos e de dominância ($\rho=0,45-0,83$) ou seja, pode-se tanto coletar sementes como propágulos que, ainda assim, haverá ganhos genéticos; a utilização de variáveis padronizadas permitiu comparar populações em idades diferentes, mostrando-se eficiente na avaliação da interação genótipo x ambiente, e que ambos os modelos utilizados foram bons quanto aos seus objetivos (seleção de indivíduos dentro das populações).

Palavras-chave: aroeira do sertão; germoplasma, seleção, variabilidade.

Agradecimentos: CAPES (PPGPUR/DS), UFSCar, UNESP.



O IMPACTO DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS EM CARACTERES SILVICULTURAIS DE *ASTRONIUM URUNDEUVA* (M. ALLEMÃO) ENGL. (ANACARDIACEAE)

Aparecida Juliana Martins Corrêa^{1*}; José Cambuim²; Mario Luiz Teixeira de Moraes²; Miguel Luiz Menezes Freitas³

¹UFSCar. ²UNESP. ³Instituto Florestal de São Paulo. *jumartinscorrea@gmail.com

Pela primeira vez na História, um agente biótico (os humanos) é considerado como fator responsável pela modificação nas condições do planeta. Essas modificações costumam ser catastróficas, apesar de desconsiderar o tempo geológico, o que não impede a elaboração de estratégias de redução de impactos. Espécie presente no Cerrado, *Astronium urundeuva* (M. Allemão) Engl. (Anacardiaceae), bastante explorada economicamente, tem distribuição conhecida na paisagem, mas não há informações sobre sua adaptação frente às mudanças climáticas. Por isso, o objetivo deste trabalho consistiu em estudar o impacto do clima sobre caracteres silviculturais de importância econômica. Para tal, progênies de três populações, duas procedentes do Cerrado e uma de área de transição Mata Atlântica-Cerrado, foram avaliadas quanto ao crescimento (altura e DAP) em 2019. Também foram coletados dados climáticos (temperatura média, precipitação média e acumulada, evapotranspiração de referência e quantidade de água disponível no solo) locais, entre 1998 e 2018. A partir desses dados foram feitas análises, para determinar os balanços hídricos descritivo e sequencial e estatísticas descritivas dos parâmetros. Com o intuito de averiguar a correlação entre caracteres silviculturais e climáticos, foi realizada uma regressão linear múltipla. Houve déficit hídrico em, praticamente, todos os anos avaliados ($m = -12,7$ mm), mostrando que a distribuição de chuvas na região de Selvíria/MS é ruim e concentrada, principalmente no verão; as médias de altura e DAP foram 8,2 m e 0,1 m, respectivamente, com alta variabilidade ($CV = 52; 57,3\%$). Não houve correlação significativa entre as variáveis silviculturais e climáticas; mas houve entre as climáticas, relacionadas com a disponibilidade de água no ambiente, mostrando a importância da água disponível no solo. Pela regressão linear múltipla verificou-se que apenas a evapotranspiração de referência média tem relação direta e negativa com a altura ($t = -3,365$, $p > 0,00325$, $a = 1\%$), que indica relação entre a disponibilidade hídrica e a produtividade dos plantios. Embora não seja espécie típica do Cerrado, *A. urundeuva* pode ter se adaptado às condições do bioma, com crescimento lento frente à falta de água, a fim de manter a sobrevivência; estratégias como adaptação e aclimação podem ser adotadas, por sobrevivência, apesar do estresse gerado. É necessário lembrar que, no Brasil, as mudanças no clima são resultantes de variações anuais, confundidas com efeitos de mudanças climáticas.

Palavras-chave: aroeira do sertão, Cerrado, germoplasma, seleção, evapotranspiração.

Agradecimentos: (PPGPUR/DS), UFSCar, UNESP.



VIABILIDADE DO PÓLEN DE *Euterpe precatoria* ARMAZENADO EM DIFERENTES TEMPERATURAS E TEMPOS

Marleson dos Santos Tavares¹; Maria Teresa Gomes Lopes²; Ricardo Lopes³;
Marcelo Domingues Martins Raizer⁴; Ananda Virginia de Aguiar^{5*}

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Universidade Federal do Amazonas. ³Embrapa Amazônia Ocidental. ⁴Embrapa Amazônia Ocidental. ⁵Embrapa Florestas. *E-mail do autor apresentador: marleson.st@gmail.com.

Duas espécies são exploradas na Amazônia para produção da polpa de açaí, *Euterpe oleracea* Mart. e *Euterpe precatoria* Mart., esta última ainda explorada principalmente de forma extrativista. Para atender o aumento de demanda do mercado sistemas de produção intensivos são necessários, o que inclui disponibilidade de material de plantio com alta produtividade e qualidade de fruto. Não existem cultivares de *E. precatoria*, o melhoramento genético da espécie ainda está no início. A realização de cruzamentos controlados é utilizada para gerar progênies com objetivo de estudar o controle genético de características de interesse e para produzir progênies melhoradas. Para realizar cruzamentos controlados é necessário dispor de pólen viável do genitor masculino no momento em que as flores femininas estão em antese no genitor feminino, por isso, procedimentos de coleta e armazenamento de pólen são importantes. O objetivo desse trabalho foi estudar o efeito da temperatura e do tempo de armazenamento na viabilidade do pólen de *E. precatoria*. Grãos de pólen foram coletados, processados, e armazenados em três diferentes temperaturas (TPA): 5° C, -20° C e -80° C por cinco tempos (TPO): 0 dias, 30 dias, 60 dias, 90 dias e 180 dias. A viabilidade dos grãos de pólen foi analisada por métodos colorimétricos (MC) com uso dos corantes Cotton Blue (CB), Tetrazólio (TZ) e Azul de Tripan (AT). Foram verificados efeitos significativos de MC, TPA, TPO e para interação MC x TPO. Resultados similares para viabilidade do pólen foram obtidos pelos métodos colorimétricos CB e TZ, sem diferenças entre as médias dos métodos, independente do TPO, ao mesmo tempo que foram superiores as médias observadas com o método AT, para todos TPO. O efeito do tempo de armazenamento foi similar para os três métodos, com viabilidade de pólen fresco superior aos armazenados, com médias não diferindo estatisticamente entre 30 dias e 90 dias, sendo estas superiores a média observada com 180 dias. Independentemente do método colorimétrico ou do tempo de armazenamento, a viabilidade dos grãos de pólen armazenados na temperatura de -20° C (72,14%) foi superior as observadas com 5 °C (70,17%) e -80 °C (70,94%), as quais não diferiram estatisticamente entre si.

Palavras-chave: Açaí; hibridação; viabilidade do pólen.

Agradecimentos: a Universidade Federal do Amazonas; a Embrapa Amazônia Ocidental; a CAPES e a FAPEAM Edital Universal - Processo 062.01247/2018.



SELEÇÃO SIMULTÂNEA E CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES BIOQUÍMICOS EM POPULAÇÃO NATURAL DE *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne

Thaís Yuriko Kuboyama Kubota^{1*}; Marcela Aparecida de Moraes²; José Cambuim¹; Patrícia Ferreira Alves¹; Selma Maria Bozzite de Moraes¹; Silvelise Pupin¹; Alexandre Marques da Silva¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/FEIS-UNESP.

² Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas/FCA-UNESP.

*E-mail thaisayuriko@yahoo.com.br.

As populações de espécies arbóreas nativas no Brasil vêm sofrendo significativas reduções de tamanho devido às ações antrópicas, como monoculturas, pecuária e crescimento urbano. A necessidade de reflorestamento e conservação de áreas naturais torna-se os estudos de variabilidade genética nessas populações imprescindíveis. Neste contexto, as populações naturais de *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae), conhecida como jatobá, corre o risco de entrar na lista de espécies ameaçadas de extinção. Assim, o objetivo do trabalho foi selecionar as melhores árvores matrizes a partir da seleção simultânea por meio do índice com base em soma de ranks (ou “postos”) e verificar a presença de correlação entre os caracteres bioquímicos, utilizando o coeficiente de Spearman. Os caracteres nutricionais de proteínas (PROT); carboidratos solúveis (CHO); polissacarídeos (TCA); amido (PCA); carboidratos totais (CHOT) e aminoácidos (AA), foram obtidos a partir de amostras de tecido foliar de uma população natural de *H. stigonocarpa*, localizada na região do município de Paranaíba-MS. As estimativas de parâmetros genéticos e a determinação do coeficiente de correlação de Spearman foram obtidas pelo programa GENES, com delineamento de blocos inteiramente casualizados com 12 tratamentos (árvores matrizes) e quatro repetições. As cinco melhores árvores matrizes foram 10, 6, 2, 3 e 7, consideradas genótipos superiores com ganho genético na seleção (GS) de 11,7% (TCA), 9,93% (CHO), 9,54% (CHOT), 2,04% (PCA), 0,37% (AA), exceto em -1,47% (PROT), a herdabilidade, no sentido amplo (h^2), foi alta, variando de 86% (PCA) a 98,83% (PROT) e o ganho total (GT) foi de 32,11%. A correlação de Spearman avaliada em 15 combinações, apresentou valores positivos de 0,93 (TCA x PCA), 0,92 (CHOT x AA), 0,91 (PROT x CHO), 0,56 (CHO x AA), 0,52 (CHO x CHOT), 0,51 (PROT x AA) e 0,46 (PROT x CHOT) e no restante das oito correlações foram negativas, consideradas fracas. As correlações entre as substâncias orgânicas evidenciaram suas influências e importância nos processos bioquímicos que ocorrem nos vegetais. Portanto, os maiores ganhos, com base no índice de seleção, foram para os teores de TCA, CHO e CHOT. Tais informações contribuem em programas de conservação e melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: coeficiente de Spearman; ganho genético; jatobá.

Agradecimentos: Faculdade de Engenharia, UNESP. Pós-Graduação em Agronomia. Associação de Recuperação Florestal do Pontal do Paranapanema, Pontal Flora.



FLORESCIMENTO E VIABILIDADE DE PÓLEN DE AÇAIZEIROS DO PARÁ NA AMAZÔNIA OCIDENTAL

Macaulay Souza de Abreu^{1*}; Maria Teresa Gomes Lopes¹; Ricardo Lopes²; Marcelo Domingues Martins Raizer²; Therezinha de Jesus Pinto Fraxe¹; Ananda Virginia de Aguiar³

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Embrapa Amazônia Ocidental. ³Embrapa Florestas. *E-mail do autor apresentador: macaulay.souza@gmail.com.

O açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.), da família Arecaceae, é uma palmeira perene e com importância econômica na Amazônia brasileira. É necessário domesticação e melhoramento genético da espécie visando a obtenção de cultivares para o plantio. O objetivo do presente trabalho foi obter informações sobre o florescimento e definir um método eficiente para análise da viabilidade de pólen de *E. oleracea*. Foram realizadas observação de emissão de inflorescências, frutificação no campo e análise de viabilidade de pólen no laboratório. Para a avaliação da viabilidade de pólen foram testados três métodos colorimétricos: Tetrazólio (0,1%), Cotton Blue (0,05%) e Azul de Triphan (0,2%), sendo que para cada amostra foram feitas lâminas das três soluções de corantes com 3 repetições de três genótipos e calculada a porcentagem de pólen viável em 200 grãos de pólen/lâmina. Para a germinação do pólen in vitro foram testados dois meios de cultura semi sólidos, um preparado com 0,6 g de ágar, 6,0 g de sacarose e 0,08 g Cloreto de Cálcio, o segundo meio com todos os componentes do primeiro, exceto o Cloreto de Cálcio. Os resultados foram analisados por meio da análise de variância e posteriormente realizado o teste de Tukey. Acompanhou-se também a viabilidade de pólen de uma inflorescência ao longo de dez dias consecutivos, a viabilidade de pólen fresco e após armazenamento por um mês. Os resultados mostraram que os eventos de floração de *E. oleracea*, na Amazônia Ocidental, foram mais frequentes no período mais chuvoso, enquanto os de frutificação, no período menos chuvoso. Os corantes Cotton blue (0,05%) e Tetrazólio (0,1%) foram capazes de distinguir os pólenes viáveis dos inviáveis e apresentaram taxa de viabilidade de pólen acima de 70%, percentual considerado satisfatório para os programas de melhoramento. Entre os corantes avaliados recomenda-se o corante Cotton blue (0,05%) para monitoramento de viabilidade de pólen na espécie devido associação de resultados de análise de porcentagem de viabilidade de pólen e maior qualidade no poder de discriminação do contraste de pólenes viáveis e inviáveis. O resultado de germinação de pólen para o meio de cultura com cálcio foi eficiente comparado ao método sem cálcio com o valor médio de germinação de 69,48 %. A conservação e manutenção da viabilidade do pólen de genótipos de *E. oleracea* pode ser realizada in vitro à -20 °C por pelo menos 30 dias.

Palavras-chave: Arecaceae; genética vegetal; melhoramento vegetal.

Agradecimentos: Embrapa Amazônia Ocidental, UFAM e CNPQ



CARACTERIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE *Myracrodruon* *urundeuva* ALLEMÃO

Daniele Fernanda Zulian^{1*}; Keller Barbosa de Lima¹; Marília Gabriela Pereira¹;
José Carlos de Oliveira Júnior¹; Francieli Alves Caldeira Saul¹; José Cambuim¹;
Júlio Cezar Ambrósio de Menezes¹; Mário Luiz Teixeira de Moraes¹

¹UNESP, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira/SP

*danizullian@gmail.com

Myracrodruon urundeuva é uma espécie nativa de alto valor econômico e social, possui madeira de excelente qualidade. Devido a fragmentação florestal, sua ocorrência está cada vez mais de forma isolada na paisagem e atualmente faz parte da lista de espécies ameaçadas de extinção. A manutenção dos poucos fragmentos existentes e a recuperação de áreas degradadas, representa um grande desafio ambiental. Um dos principais problemas é a insuficiente produção de sementes, com qualidade genética, o que pode acarretar insucesso de projetos de reflorestamento com espécies nativas. O objetivo do trabalho foi verificar a variabilidade genética de um teste de progênie de segunda geração de *M. urundeuva* em fase inicial de desenvolvimento. As sementes foram obtidas em 30 árvores de polinização aberta de *M. urundeuva* de uma Área de Produção de Sementes (APS), localizada na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/UNESP), em Selvíria-MS. O teste de progênie de segunda geração foi instalado em fevereiro de 2020, no mesmo local de origem das sementes, em sistema de plantio consorciado, com Guapuruvu (*Schizolobium parahyba*) no delineamento em blocos completos casualizados com 25 blocos, 30 tratamentos (progênies) e uma planta por parcela no espaçamento 3 X 3 m. Aos sete meses de idade, foram avaliados a altura total das plantas e a sobrevivência. A análise de deviance e as estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas com base no procedimento genético estatístico REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Imparcial). A sobrevivência foi alta (98%), com um crescimento médio em altura de 0,76 m. Esses resultados sugerem boa adaptação no local de plantio e um desenvolvimento inicial satisfatório. Houve diferença significativa (19,49**) entre as progênies para a variável altura analisado pelo teste de qui-quadrado. O coeficiente de herdabilidade, em nível de média de progênies, foi de 0,63 e a herdabilidade em nível individual foi de 0,26. O coeficiente de variação genética em nível de indivíduos e de progênies foi de 16,46%, 8,23%. A acurácia foi alta (0,78), indicando a confiabilidade dos resultados. O teste de progênies de segunda geração de *M. urundeuva* possui variabilidade genética, evidenciando que as matrizes selecionadas na APS proporcionaram sementes com qualidade genética, sendo uma opção para distribuição em reflorestamentos na região do Bósão sul-mato-grossense.

Palavras-chave: Área de Produção de Sementes; Aroeira; Conservação genética.

Agradecimentos: A Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/UNESP) e a Pontal Flora



OTIMIZAÇÃO DAS FASES DE DIFERENCIAÇÃO E GERMINAÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE PALMA DE ÓLEO (*ELAEIS* SPP.)

*Thauan Martins Lelis^{1,2}; Rennan de Oliveira Meira^{1,2}; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Jonny Everson Scherwinski-Pereira^{1,2}

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor apresentador: thauanlelis98@gmail.com

A produção clonal de genótipos superiores *in vitro* é uma técnica de grande utilidade para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético. Em palmeiras como a palma de óleo em que não existe formas convencionais de propagação vegetativa, a rota de embriogênese somática tem sido considerada como a única rota capaz de permitir a multiplicação clonal da espécie. Em Palma de óleo, a propagação clonal tem sido garantida pelo desenvolvimento de protocolos de embriogênese somática. Contudo, algumas etapas do processo ainda carecem de otimizações, especialmente as etapas de diferenciação e germinação dos embriões somáticos, fases estas determinantes para que se obtenham mudas em quantidade e com qualidade. Neste trabalho objetivou-se otimizar as fases de diferenciação e germinação de embriões somáticos de um híbrido interespecífico de palma de óleo. Para tanto, amostras de calos embriogênicos provenientes da coleção de linhagens embriogênicas de palma de óleo (CoLePalm) da Embrapa Cenargen foram cultivados em meio de MS1/2 (Murashige e Skoog), suplementado com 30 g/L de sacarose e ácido giberélico (AG₃) em diferentes concentrações (0, 1,4 e 2,8 µM). Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, com 30 repetições por tratamento, sendo cada repetição composta por 7 calos. Após até sete meses nessas condições, avaliaram-se o percentual de embriões somáticos normais (brancos), hiperhídricos (translúcidos) e em germinação. O grupo de calos do tratamento controle apresentou as seguintes porcentagens de formação de embriões somáticos normais, embriões hiperhídricos e de germinação: 11%, 19% e 6%, respectivamente. Nos tratamentos com AG₃, verificou-se incremento em todas as variáveis avaliadas. A concentração de 1,4 µM de AG₃ proporcionou 16% de formação de embriões somáticos normais, 29% de embriões somáticos hiperhídricos e 10% germinação. No tratamento com 2,8 µM de AG₃, observou-se que 27% dos calos se diferenciaram em embriões somáticos, outros 41% em embriões somáticos hiperhídricos, além de 21% de germinação. Enfatiza-se que embriões hiperhídricos, de modo geral, falharam no processo germinativo. Apesar da maior ocorrência de hiperidricidade em calos cultivados sob efeito de AG₃, o uso desse regulador de crescimento potencializou as taxas de germinação de embriões somáticos. Logo, recomenda-se estudos posteriores para otimizar as concentrações de AG₃ e o tempo de exposição a esse regulador, visando mitigar a hiperidricidade concomitantemente ao aumento da taxa de germinação.

Palavras-chave: Arecaceae; ácido giberélico; embriogênese somática.

Agradecimentos: EMBRAPA, CNPq e FAPDF



EFEITO DO ÁCIDO INDOLBUTÍRICO NA MELHORIA DO ENRAIZAMENTO DE PLANTAS DE PALMA DE ÓLEO (*ELAEIS* SPP.) CLONADAS POR EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA

*Thauan Martins Lelis^{1,2}; Rennan de Oliveira Meira^{1,2}; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso²; Jonny Everson Scherwinski-Pereira^{1,2}

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor apresentador: thauanlelis98@gmail.com

A palma de óleo (*Elaeis* spp.) é uma palmeira economicamente importante devido ao óleo extraído de seus frutos, sendo considerada líder mundial em produtividade de óleo vegetal. A exploração sustentável dessa espécie depende da seleção e uso de genótipos agronomicamente superiores e métodos eficientes de propagação. A embriogênese somática tem sido considerada a única e mais indicada ferramenta para a multiplicação clonal da palma de óleo. Apesar dos protocolos existentes, inconvenientes como genótipo-dependência, necessidade de otimização da multiplicação de calos embriogênicos e baixa taxa de formação de plantas completa (emissão de ambos meristemas) são comumente relatados para a cultura. Este trabalho objetivou avaliar o efeito do uso do ácido indol-3-butírico (AIB) na otimização do processo de enraizamento de partes áreas de embriões somáticos de palma de óleo provenientes da etapa de germinação. Para tanto, embriões somáticos com germinação incompleta (emissão apenas de parte aérea) foram cultivados em frascos de cultura contendo 70 ml de meio de MS1/2 (Murashige e Skoog), suplementado com 30 g/L de sacarose e diferentes concentrações de AIB: 4,9 e 57,3 μ M. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado com 40 repetições por tratamento, sendo cada tratamento formado por um broto. A presença de raiz foi avaliada mensalmente por um período de seis meses. Verificou-se que no tratamento com 4,9 μ M de AIB, a porcentagem de brotos com emissão de raiz foi de 0, 4, 6, 6, 7 e 9%, considerando os seis meses de observação. No tratamento com 57,3 μ M de AIB, as porcentagens de enraizamento incrementaram ao longo do período de avaliação (7, 19, 26, 30, 33 e 33%). Porém, o tratamento com maior concentração de AIB proporcionou oxidação no meio cultura e nos explantes, o que exigiu subcultivos com maior frequência para evitar a ocorrência de danos no crescimento das plantas. De acordo com os dados obtidos, conclui-se que o uso de 57,3 μ M de AIB proporciona, nas condições de estudo, incrementos na formação de raízes, embora potencialize a ocorrência de oxidação dos propágulos. Nesse sentido, estudos posteriores são necessários para avaliar esta concentração de AIB, com outros fatores do meio para que se possa maximizar o enraizamento de embriões somáticos com germinação incompleta, sem detrimento da qualidade do meio de cultivo e das plantas, em função da oxidação.

Palavras-chave: Arecaceae; auxina; enraizamento.

Agradecimentos: EMBRAPA, CNPq e FAPDF.



Variação genética em teste de segunda geração de progênie de *Pinus tecunumanii* (Eguiluz & Perry) para caracteres de crescimento

*Arnaldo Patrício Pinhoni Silva¹; Daniela Fernanda Zulian²; Wanderley dos Santos³; Larissa Lühns⁴; Mario Luiz Teixeira de Moraes⁵; Ananda Virginia Aguiar⁶

¹UNESP - FEIS – Curso de Engenharia Agrônômica; ²UNESP - FEIS – Doutorado; ³Pesquisador autônomo; ⁴Faculdade Pequeno Príncipe;

⁵Professor, Faculdade de Engenharia, Campus de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista; ⁶Pesquisadora-Embrapa Florestas.

*arnaldoppsilva010@gmail.com

Pinus tecunumanii, é uma espécie tropical originária da América Central. A espécie é indicada para as regiões de clima tropical, como alternativa para o reflorestamento. Por possuir boa qualidade de madeira, fuste retilíneo, adaptabilidade a diferentes tipos de solos, apresenta potencial para aumento da produtividade das florestas. O objetivo foi avaliar a sobrevivência e estimar a variação genética para caracteres de crescimento em um teste de progênie de *P. tecunumanii*. O material utilizado é procedente de um Pomar de Sementes por Mudas localizado em Ventania, PR e um clonal de Luiz Antônio, SP (Internacional Paper). O teste de progênie foi instalado em 2012, no município de Ribeirão Branco-SP, com um delineamento experimental em blocos completos ao acaso, contendo 44 tratamentos (progênie), com uma planta por parcela no espaçamento 3,0 X 3,0 m. Aos seis anos de idade foram avaliados altura total das plantas (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm), volume (VOL, m³.ha⁻¹) e sobrevivência (SOB, %). As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio do procedimento REML/BLUP. A sobrevivência das progênie de *P. tecunumanii* foi alta (84,0 %), indicando boa adaptação da espécie ao local de plantio. Os valores médios para os caracteres de crescimento foram de 7,2 m, 14,0 cm e 0,065 m³.ha⁻¹ para ALT, DAP, VOL, respectivamente, sugerindo um bom desenvolvimento da espécie. Houve diferença significativa entre as progênie para a variável DAP e VOL analisado pelo teste de qui-quadrado a um 1% de significância. Os coeficientes de herdabilidade, em nível de média de progênie e nível individual foram de moderados a alto para DAP (0,62; 0,18) e VOL (0,60 – 0,17). A acurácia foi de 0,43, 0,78 e 0,77 para ALT, DAP e VOL, respectivamente. Os coeficientes de variação individual e progênie variaram de 2,84% a 17,1% e 1,43% a 8,5%, respectivamente. Existe variação genética no teste de progênie de *P. tecunumanii*, para DAP e VOL, e isso sugere a possibilidade de se obter ganhos genéticos satisfatórios com a transformação do teste em pomares de sementes por mudas ou clonal.

Palavras-chave: Espécies tropicais; parâmetros genéticos; melhoramento.

Agradecimentos: A Embrapa Floresta e a empresa Pinara



CORRELAÇÃO ENTRE VALORES GENÉTICOS ADITIVOS E GENOTÍPICOS EM PROGÊNIES DE *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, PARA SELEÇÃO CLONAL OU SEMINAL

*Arnaldo Patrício Pinhoni Silva¹; Daniele Fernanda Zulian¹; Keller Barbosa de Lima¹; Francieli Alves Caldeira Saul¹; Darlin Ulizzes Gonzales Zaruma¹; César Henrique Alves Seleguin²; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹; Miguel Luiz Menezes Freitas³.

¹UNESP – FEIS, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira-SP. ²AEMS- Faculdades Integradas de Três Lagoas; ³Pesquisador científico – INSTITUTO FLORESTAL

*arnaldoppsilva010@gmail.com

O objetivo do trabalho foi verificar a correlação entre os valores genéticos preditos com os valores aditivos, a fim de contribuir com a seleção de genótipos superiores para produção clonal ou de sementes. O experimento foi instalado em março de 1990, na Fazenda de Ensino e Pesquisa da UNESP, localizada no município de Selvíria, MS, o teste de progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* possui suas sementes oriundas de um pomar de sementes clonal do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais – CCGMPT. Sendo constituído de um delineamento experimental látice quadrado 11 x 11, sêxtuplo, parcialmente balanceado, tendo 119 progênies, em 2004 foi realizado um desbaste de 50% e permaneceram parcelas lineares de três plantas, no espaçamento de 3,0 x 3,0 m. Aos 29 anos após o plantio, avaliou-se o diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e a sobrevivência (SOB, %). Os parâmetros genéticos foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP). A sobrevivência das progênies aos 29 anos foi alta (75,2%). Houve diferença significativa (35,58**) entre as progênies para a variável DAP analisado pelo teste de qui-quadrado a um 1% de significância. Essa diferença encontrada sugere a possibilidade de ganhos com a seleção. Quanto a posição dos genótipos, em relação aos efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos ($g = a + d$), para o DAP, verificou-se que a ordem do genótipos foi praticamente a mesma (coeficiente de Spearman de 0,98) entre os efeitos (a) x (g). Nesse caso, a seleção dos melhores indivíduos indicados para o plantio, por sementes, é a mesma se for praticada a propagação vegetativa (clones). A presença de variação genética para o DAP no teste de progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, pode ser explorada para fins de produção florestal e/ou compor programas de melhoramento genético para a espécie na região do Bósão sul-mato-grossense.

Palavras-chave: Pinus; BLUPs; melhoramento genético;

Agradecimentos: A instituição de pesquisa FEIS e a bolsa de IC-CNPq, do Instituto Florestal. E a Resineves.



FLORESCIMENTO E VIABILIDADE DE PÓLEN EM *Astrocaryum acaule* Mart.

Jekiston de Souza ANDRADE^{1*}; Maria Teresa Gomes LOPES¹; Ricardo LOPES²; Marcelo Domingues M. RAIZER²

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Embrapa Amazônia Ocidental. *E-mail: jekistonandrade@gmail.com

A família Arecaceae possui grande diversidade e grande importância socioeconômica com espécies conhecidas por serem fornecedoras de produtos para diversos fins. O gênero *Astrocaryum* recebe destaque tendo em vista suas potencialidades econômicas pela utilização dos frutos e fibras extraídas de suas folhas, como é o caso de *Astrocaryum acaule* Mart, palmeira amazônica que produz frutos consumidos pelas populações tradicionais da região. A caracterização de *A. acaule* quanto à biologia floral e viabilidade polínica gera conhecimentos que podem contribuir para a conservação e melhoramento genético da espécie. Os objetivos deste trabalho foram estudar o florescimento, viabilidade polínica e definir um método eficiente para coleta e armazenamento de pólen. Os eventos fenológicos foram acompanhados em 30 genótipos no período de 12 meses. Foi realizada a caracterização da biologia floral da espécie com acompanhamento dos eventos florais. Para o estudo da viabilidade polínica foi coletado pólen em inflorescências de cinco indivíduos da espécie. Foram testados três soluções de corante para determinar a viabilidade polínica: Tetrazólio (0,1%), Cotton Blue (0,05 %) e Azul de Tripan (0,2 %) com avaliação do pólen por 360 dias. Foi determinado o meio de cultura ideal para a germinação do pólen e avaliada a germinação durante o mesmo período. Os ciclos de floração anual ocorrem de junho a agosto e novembro a janeiro. Houve registro de frutificação em todos os meses, exceto em julho e agosto. A cronologia da antese ocorre no período de três dias seguidos com a fase feminina, intervalo entre fases e fase masculina. A espécie apresenta termogenia com variação de 3 °C da temperatura na inflorescência comparada com a temperatura ambiente. A viabilidade do pólen fresco foi considerada alta, sendo maior que 80% em todos os tratamentos. A maior porcentagem de germinação do pólen fresco ocorreu no meio de cultura com 100 g L⁻¹ de sacarose e adição de Ca(NO₃)₂·2H₂O (60,08%). Ao final do período de avaliação (360 dias), os grãos de pólen armazenados em temperaturas mais baixas (-20 °C e -80 °C) apresentaram maior viabilidade, com média superior a 60% pelo teste de Tetrazólio e 20% de germinação em meio de sacarose e cálcio desidratado. *A. acaule* M. tem dois ciclos anuais de floração e frutificação definidos, sendo os períodos de junho a agosto e novembro a janeiro os melhores para coleta do pólen e realização de cruzamentos. O corante Tetrazólio e o meio ágar com cálcio são os mais eficientes para análise da viabilidade e germinação de pólen. O pólen armazenado por 360 dias mantém maior viabilidade quando armazenado em baixas temperaturas.

Palavras-chave: hibridação, armazenamento de pólen, tucumã-í.



ANÁLISE DE DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES DO TIPO SSRs PARA O FEIJÃO COMUM A PARTIR DO SEU GENOMA

Juliana Morini Küpper Cardoso Perseguini¹; Carmen Catarina Brostolin Ribeiro¹; Emanuele Cristina Weiss ¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Campus Dois Vizinhos-PR *E-mail do autor apresentador: julianam@utfpr.edu.br.

O volume crescente de dados genômicos sobre o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) têm contribuído para sua importância como espécie genética modelo e afetada positivamente a investigação de outras leguminosas de valor científico e econômico. Expandir e adquirir um conhecimento mais profundo do genoma comum do feijão, é de sua importância para gerar ferramentas que possam auxiliar no melhoramento genético desta espécie. Os marcadores moleculares estão sendo amplamente utilizados para promover estudos de diversidade genética, estudo de genes de interesse agrônômicos, mapeamento genético, mapeamento associativo e seleção assistida por marcadores moleculares. Dentre os marcadores moleculares mais empregados para esta finalidade estão os microssatélites ou SSRs. Diante do exposto o objetivo do presente trabalho foi avaliar os SSRs presentes em cada cromossomo (Chr) do *P. vulgaris*, e desenvolver primers que flanqueiam essas regiões de microssatélites. Para o desenvolvimento dos primers foi utilizada as sequências genômicas de *P. vulgaris* disponíveis no banco de dados de *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). A identificação e localização dos SSRs e o desenho dos iniciadores, foi realizada com a utilização software Krait (<https://github.com/lmdu/krait>), com base no download das sequências no formato FASTA. Os resultados obtidos quanto ao número de marcadores microssatélites (SSRs) para cada cromossomo foram: 8.264 SSRs perfeitos para o Chr01; 8.850 SSRs perfeitos para o Chr02; 9.620 SSRs perfeitos para o Chr03; 6.830 SSRs perfeitos para o Chr04; 5.697 SSRs perfeitos para o Chr05; 5.728 SSRs perfeitos para o Chr06; 7.587 SSRs perfeitos para o Chr07; 9.454 SSRs perfeitos para o Chr08; 8.302 SSRs perfeitos para o Chr09; 5.944 para o Chr10 e 7.062 SSRs para o Chr11. Foram desenhados um total de 33.585 primers. Posteriormente uma seleção destes SSRs será realizada, removendo os SSRs para repetições de mononucleotídeos, e será realizada a síntese e caracterização destes marcadores (temperatura de anelamento; número de alelos por loco; PIC). Os marcadores SSRs desenvolvidos no presente estudo poderão ser empregados na análise de diversidade genética - a fim de promover a conservação e exploração de germoplasma, mapeamento genético, mapeamento associativo e seleção assistida para características de interesse agrônômico.

Palavras-chave: marcadores moleculares, *Phaseolus vulgaris* L, melhoramento genético.

Agradecimentos: a Universidade Tecnológica Federal do Paraná pelo suporte ofertado para a realização deste trabalho.



ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) DO HÁBITO DE CRESCIMENTO EM FEIJÃO-COMUM

Érica Munique da Silva¹; Paula Pereira Torga^{2*}; Rosana Pereira Vianello²;
Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza²; Marcela Pedroso Mendes Resende³

¹Estagiária da Embrapa Arroz e Feijão. ²Pesquisador(a) da Embrapa Arroz e Feijão.

³Professora da Universidade Federal de Goiás. *paula.torga@embrapa.br

O hábito de crescimento está entre as principais características avaliadas no processo de desenvolvimento de cultivares de feijão, especialmente quando o objetivo é selecionar genótipos com aptidão para colheita mecânica direta. A análise GWAS possibilita identificar regiões genômicas associadas a caracteres de interesse e estimar seus efeitos, podendo acelerar o processo de desenvolvimento de novas cultivares. Dessa forma, esse trabalho objetivou identificar regiões genômicas relacionadas ao hábito de crescimento no feijoeiro. Um conjunto de 316 acessos de feijão-comum de origem Mesoamericana, pertencentes a coleção nuclear de feijão da Embrapa Arroz e Feijão, foram genotipados com 11870 SNPs derivados das tecnologias *DArTseq* e *Capture-Seq*. A avaliação fenotípica destes genótipos ocorreu em ensaio realizado em casa de vegetação, em que o hábito de crescimento (determinado ou indeterminado) foi avaliado após o início do florescimento. A análise de associação foi realizada utilizando o software estatístico R, por meio do algoritmo de Modelo Linear Misto Comprimido (CMLM), implementado no pacote GAPIT (*Genomic Association and Prediction Integrated Tool*). Foram identificados 23 SNPs significativamente associados ao hábito de crescimento no cromossomo Pv01. Usando a ferramenta BLASTN, as regiões flangeadoras dos SNPs significativos foram alinhadas no genoma do feijão (*Phytozome*), revelando 11 genes. Os genes identificados codificam proteínas que estão relacionadas a processos metabólicos, de crescimento e de morfogênese, que influenciam no hábito de crescimento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; mapeamento associativo; coleção nuclear.

Agradecimentos: CAPES, UFG, Embrapa Arroz e Feijão.



SELECTION OF SILAGE MAIZE BY HALF-SIBS FAMILIES IN CONTRASTING ENVIRONMENTS

Pamela Stefani Ramos Olivera¹; Yanet Belén Morales García¹; Adrián Nicolás Cabrera Buzo¹; Victoria Garcia da Rosa Ruetalo¹; Andrés Locattelli Fagúndez¹; Rafael Vidal André¹

E-MAIL: ramosstefani1996@gmail.com

¹ Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Av. Garzón 780 CP 12900, Montevideo, Uruguay

Currently, ten races of maize and three race complexes are conserved *in situ-on farm* in Uruguay (De Almeida, 2019). *Blanco Dentado* race is particularly important for its forage and silage potential. The method based on half-sib progeny has been the most used, due to its ease of driving and efficiency to increase the frequency of promising genes in populations, allowing a fast progress achievement (Paterniani & Campos, 1999).

The objective of this work was to identify the existence of diversity and the effect of interactions with the environment in characteristics of interest for silage maize. 150 *Blanco Dentado* maize race families selected by the mass method were sown in different agroclimatic zones (north and south of Uruguay) where there were measured: overturn, plant height, first ear height, number of ears and tillers.

The experimental design used was completely randomized blocks with 3 repetitions. The sowing dates were on December 27th in the north and January 12th in the south. 25 seeds were sown in each plot. Plant height was measured (after flowering) from the ground to male inflorescence insertion, height of first ear was measured from the ground to the insertion of the first female inflorescence, overturning was determined from a visual scale from 1 to 3 and finally the number of ears per plant was counted, as well as the number of tillers. Tests were made to verify the existence of significant differences. All the variables evaluated showed significant differences between the families between locality and among localities. Besides, the analysis shows that in the southern zone there is less variance in the measured variables with respect to the northern zone. With respect to one of them, in the southern zone was observed that the number of spikes was greater. Through a principal component analysis of the variables: overturning, plant height, first ear height and number of ears; two large groups were distinguished according to regions, and within each one, 3 groups of families were identified in trials in the north, while in the south 4 groups of families were observed associated with the number of spikes. The tillering is a characteristic of the race in Uruguay and of interest to farmers. It was observed that 17 families presented this characteristic in the southern part of the country, while in the north there were 9 families, not having coincidences in the ones that showed tillering, which could be explained by the effects of Interaction Genotype by Environment. The results demonstrate the potential of germplasm for selection and the importance to develop evaluations in different regions of Uruguay.

Key words: diversity; germplasm; *Zea mays* ssp *mays* L..



DESENVOLVIMENTO E FENOTIPAGEM DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE ARROZ PARA RESISTÊNCIA À BRUSONE

Raquel N Mello¹; Aluana G Abreu^{1*}; Marcio Vinicius C B Côrtes¹

¹ Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, CEP 75375-000, Santo Antônio de Goiás-GO.

* aluana.abreu@embrapa.br

Bancos de germoplasma (BAG) foram criados para preservar a biodiversidade das culturas, conservando recursos genéticos para uso presente e futuro. Enquanto o esforço inicial foi em criar e enriquecer o acervo dos BAGs, o objetivo atual é garantir que os acessos sejam usados. O BAG Arroz da Embrapa conserva dezenas de milhares de acessos dessa cultura. Dentre eles, já foram identificadas fontes a vários estresses, como para a brusone, principal doença do arroz, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae* B. Couch. Muitas fontes, entretanto, são materiais com características agronômicas muito divergentes de linhagens e cultivares de programas de melhoramento, o que limita seu uso. Uma alternativa para aumentar a integração entre BAGs e programas de melhoramento é a implantação de atividades de pré-melhoramento. Esse trabalho teve como objetivo desenvolver e fenotipar, para a resistência à brusone, dois conjuntos de linhagens endogâmicas recombinantes de arroz, obtidas do cruzamento entre uma cultivar de terras altas, BRS Esmeralda (BGA 15465), e duas fontes de resistência à brusone: Três Marias (3M, BGA 6606), uma variedade tradicional brasileira, e CNA923 (923, BGA 923), uma linhagem introduzida do México. Todas as atividades foram conduzidas na Embrapa Arroz e Feijão. As linhagens F₁ foram autofecundadas até F₇, para ambos os cruzamentos. Foram avaliados os três genitores, 110 linhagens do cruzamento 3MxEsmeralda e 165 do cruzamento 923xEsmeralda. Os genótipos foram inoculados em casa de vegetação, com sete isolados compatíveis de *M. oryzae* (Py 6785, Py 7588, Py 8850, Py 8851, Py 9439, Py 10948 e Py 11017), obtidos do Banco de Microrganismos Multifuncionais e Fitopatógenos da Embrapa Arroz e Feijão. Sete dias após a inoculação, a severidade da doença foi avaliada pela observação visual de sintomas, numa escala de 0 a 9. Três isolados (Py 6785, Py 9439 e Py 11017) foram descartados das análises, pois não causaram doença na cultivar suscetível (Esmeralda), e um (Py 10948), porque causou doença em uma fonte (3M). As fontes de resistência tiveram nota 0 no restante das avaliações. Para o cruzamento 3MxEsmeralda, foram observadas 83%, 77%, e 63% de linhagens resistentes e, para 923xEsmeralda, 93%, 95%, e 88%, para os isolados Py 7588, Py 8850 e Py 8851, respectivamente. Considerando-se a suscetibilidade de BRS Esmeralda, houve introdução de genes de resistência na maioria das linhagens, que serão armazenadas no BAG Arroz e ficarão disponíveis para intercâmbio.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; pré-melhoramento; estresse biótico

Agradecimentos: Esse projeto foi financiado pelo CNPq (423993/2016-0) e pela Embrapa (02.14.01.007.00.00).



CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL EM GERMOPLASMA CRIOULO DE FEIJÃO

Larissa Yuki Terada¹; Lucas Vinícius Sousa de Alcantara¹; Luiz Fernando Klein¹; Lucas Teixeira da Silva¹; Leticia Lunardi¹; Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. E-mail do autor apresentador:terada@alunos.utfpr.edu.br

O feijão é uma leguminosa que está entre os alimentos mais consumidos e representa um dos pilares da dieta da população brasileira, pelo fato de contribuir como fonte de carboidratos, proteínas, vitaminas e sais minerais que fornecem energia para uma alimentação saudável e propicia um bom funcionamento do sistema digestivo, além de atuar no controle de colesterol e glicose do sangue. Desta maneira o objetivo deste trabalho foi coletar informações sobre teores nutricionais variedades crioulas de feijão em safra e safrinha e contribuir para futuros programas de melhoramento genético. O trabalho foi realizado na Universidade Tecnológica Federal do Paraná, campus Dois Vizinhos localizada no sudoeste do Paraná nos anos de 2017/2018 na safra e safrinha, foram utilizadas 34 variedades que foram semeadas em blocos ao acaso, com três repetições e o sistema de plantio foi o convencional com manejos pré-determinados e acompanhamento e intervenções quando necessário, conforme as recomendações técnicas da Cultura. Para as análises de nutrientes os grãos colhidos foram levados a estufa de secagem e logo após foram moídos, em seguida foram encaminhados para determinação da concentração de proteína e dos minerais. Os dados obtidos foram analisados pela análise de variância a 5% de probabilidade e as medidas comparadas pelo teste de Scott Knott. Todas as variedades analisadas apresentaram diferença significativa entre elas, entretanto as variedades Pombinho e IPR-Rajado se sobressaíram no teor de proteína, enquanto as variedades Argentino e Marronze foram as que mais se destacaram no quesito ferro e no teor de cálcio as variedades promissoras foram Carioca Rosa e Carioca lapar -16. Com isso o trabalho conclui que as caracterizações de nutricional de genótipos crioulos de *Phaseolus vulgaris* L. fornecem informações de interesse para futuros programas de melhoramento genético, pois as variedades que mais se destacaram são relevantes para escolha de genótipos para hibridações controladas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Variedades; Proteínas.

Agradecimentos: Universidade Tecnológica Federal do Paraná, campus Dois Vizinhos.



CARACTERES FENOLÓGICOS E AGRONOMICOS DE LINHAGENS DE FEIJÃO

Larissa Yuki Terada¹, Letícia Lunardi¹, Lucas Vinícius de Sousa Alcantara¹, Lucas Teixeira da Silva¹, Ana Claudia Schillemer dos Santos¹, Lucas da Silva Domingues¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos. *E-mail do autor apresentador:terada@alunos.utfpr.edu.br

Por apresentar alta variabilidade genética o feijão (*Phaseolus vulgaris*) é cultivado em distintas regiões e em diversos níveis tecnológicos, visando alta rentabilidade. O presente trabalho tem como objetivo avaliar o potencial agrônomo e tecnológico de linhagens de feijão em fase de avaliação de Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (EVCU). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas por quatro linhas de 4,0 metros de comprimento e espaçamento de 0,5 metros com a semeadura de 15 linhagens, a adubação de base foi realizada conforme análise de solo e a expectativa de rendimento para a cultura de 3000 kg.ha⁻¹. O experimento foi conduzido na safra 2018/2019 e safrinha de 2019 na Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) Campus Dois Vizinhos/PR. Foram analisados os seguintes parâmetros: número de dias para florescimento (NDF), ciclo (em dias) altura de inserção da primeira vagem (A1V) e número de grãos por vagem (NGV), em dois ciclos de cultivo. Durante a safra as linhagens alcançaram florescimento tardio, não diferindo entre si. Para a safrinha o NDF foi menor em relação ao período anterior para a maioria das linhagens, em que a UEM 266 foi superior as cultivares IPR Uirauru, IPR Sabiá, Pérola e BRS Esteio, com 43 dias. Entre linhagens, a (A1V) mostra que todos os genótipos avaliados obtiveram valores superiores à 12 cm, estando dentro do aceitável para este fator, no que diz respeito à redução de perdas causadas por doenças fúngicas que ocorrem por meio do contato das vagens aos solos muito úmidos, além de facilitar a colheita mecanizada. A linhagem UEM 266 apresentou o maior A1V na safra (27,63), enquanto a variedade FAP-F3-2-Sel atingiu na safrinha o maior valor (19,30). Pode-se verificar que os valores para (NGV) não diferiu estatisticamente entre as linhagens na safra 2018/19. Os genótipos TB 17-02 e IPR Uirapuru apresentaram os maiores valores (4,48 e 4,74, respectivamente) na safrinha 2019.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Variabilidade genética; Fenologia.

Agradecimentos: agradecimento a UTFPR Campus Dois Vizinhos pelo aporte financeiro.



PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus tereticornis* EM SELVÍRIA-MS

Keller Barbosa de Lima^{1*}; Daniele Fernanda Zulian¹; José Cambuim¹; Marília Gabriela Pereira¹; Fenando Arias Damas de Barros¹; César Henrique Alves Seleguin²; Paulo Henrique Müller da Silva³, Mario Luiz Teixeira de Moraes¹.

¹UNESP – FEIS, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira-SP. ²AEMS – Faculdades Integradas de Três Lagoas. ³Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais – IPEF, Piracicaba. limakeller@hotmail.com

O *Eucalyptus tereticornis* é uma espécie nativa da Austrália, a qual possui madeira densa e de rápido crescimento, sendo muito utilizada em construções pesadas, como trilhos de trem e construção de ponte. Espécie promissora para regiões tropicais com déficit hídrico. Esses fatores contribuem para a introdução dessa espécie em diversos países, como o Brasil. Suas folhas também podem ser utilizadas na fabricação de óleos essenciais. O objetivo foi estimar os parâmetros genéticos em progênies de *Eucalyptus tereticornis* em Selvíria-MS. A variabilidade genética foi avaliada em dois testes de progênies de polinização aberta de *E. tereticornis*, instalados em setembro de 2017, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/Unesp), em Selvíria-MS. No teste 1 foram utilizadas 87 progênies enquanto no teste 2 foram 85, em ambos os testes as progênies eram procedentes do Programa Cooperativo de Melhoramento Florestal do IPEF. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com uma planta por parcela, 18 e 6 repetições para os locais 1 e 2, respectivamente. Aos 3 anos de idade foram feitas as avaliações para sobrevivência, altura (ALT, m) e diâmetro a altura do peito (DAP, cm), os parâmetros genéticos foram obtidos a partir de uma análise conjunta, pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP). A sobrevivência foi alta (77,8%), indicando uma boa adaptação da espécie ao local de plantio. Para análise de deviance foi realizado o teste de qui-quadrado (X^2), em nível de progênies, os caracteres altura e DAP apresentaram diferenças significativas de 5% de significância. Para o efeito de local só o carácter altura apresentou diferença significativa a 5% de significância. O coeficiente de herdabilidade individual, no sentido restrito, para a variável altura e DAP foi de 0,17. A variável altura apresentou 5,4% o coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente, enquanto o DAP apresentou 1,6%. Em relação a correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes o carácter altura teve como resultado 0,45 e DAP foi de 0,72. O teste apresenta variação genética para os caracteres de crescimento na avaliação. Pela alta taxa de sobrevivência encontrada no teste de progênies, pode-se considerar que existe genótipos adaptados para a região. O teste contém progênies promissoras para compor novos programas de melhoramento genético da espécie na região do Bósão sul-mato-grossense.

Palavras-chave: Eucalipto; Interação Genótipo x Ambiente, Variação genética.

Agradecimentos: A instituição de pesquisa FEIS e ao IPEF pelo fornecimento das progênies.



VARIAÇÃO GENÉTICA DE UM BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE DUAS POPULAÇÕES DE *Myracrodruon urundeuva* Fr. All

Lara Comar Riva¹, Marcela Aparecida de Moraes², Francieli Alves Caldeira Saul¹, José Cambuim¹, Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP. ²Faculdade de Ciências Agrônomicas/UNESP. lara-comar@hotmail.com.

A *Myracrodruon urundeuva* é uma espécie arbórea secundária endêmica da América do Sul, conhecida pelas características da sua madeira. No Brasil, as ações antrópicas levaram a perturbações do seu ecossistema e a fragmentação da vegetação, colocando em risco de extinção da espécie. O objetivo desse estudo foi avaliar o comportamento e a variação genética para a espessura da casca da base e do diâmetro a altura do peito (DAP) em um teste de procedências (Bauru/SP e Selvíria/MS) e progênies aos 31 anos de idade. O experimento foi instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Selvíria-MS, utilizando o delineamento experimental de blocos casualizados, com 28 tratamentos (progênies de cada procedência), 3 repetições e 10 plantas por parcela. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas a partir da aplicação da metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, através do software Selegen. Para o caractere da base, a espessura da casca não apresentou diferenças significativas entre procedências e progênies, apenas nas parcelas, sugerindo a influência ambiental no experimento, uma vez que as árvores que apresentaram maior sombreamento, localizadas ao lado de uma área de reflorestamento, foram as que tiveram menor espessura de casca. Este fato também é confirmado pelos baixos valores dos coeficientes de herdabilidade. Em contrapartida, a espessura de casca no caractere do DAP, apresentou diferenças significativas entre procedências e progênies. Os valores do coeficiente de variação genética individual e entre progênies foram altos, acima de 10%, sugerindo uma expressiva variabilidade genética. Dessa forma, o presente teste de progênies e procedências apresenta potencial para transformação futura de um pomar de sementes por mudas para fornecer sementes com boa qualidade genética para suprir a demanda em projetos de reflorestamento na região do Bolsão sul-matogrossense.

Palavras-chave: Aroeira; Conservação; Variação genética.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

Associação de Recuperação Florestal do Pontal do Paranapanema, Pontal Flora.



CALOGÊNESE EM INFLORESCÊNCIAS DO HÍBRIDO INTERESPECÍFICO DE DENDEZEIRO UTILIZANDO A TÉCNICA THIN CELL LAYER

Marcília Gabriella Tavares Monteiro^{1*}; Joanne Moraes de Melo Souza²; Hugo Alves Pinheiro²; Oriel Filgueira Lemos³; Jandson José do Vale Guimarães⁴

¹Universidade Federal Rural da Amazônia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia. ²Universidade Federal Rural da Amazônia. ³Embrapa Amazônia Oriental.

⁴Instituto Federal do Pará. *E-mail do autor apresentador: gabytmonteiro@gmail.com

Em palma de óleo, diferentes tipos de explantes têm sido utilizados em estudos de cultivo *in vitro* e a inflorescência pode ser uma importante fonte de explante, uma vez que está disponível em abundância na planta. O objetivo deste trabalho foi induzir calos embriogênicos em inflorescências femininas do híbrido interespecífico (HIE) da palma de óleo (*E. oleífera* x *E. guineenses*) BRS Manicoré usando a técnica TLC (Thin Cell Layer). Inflorescências femininas imaturas do híbrido em diferentes estádios de desenvolvimento (inflorescência folha zero - I0; inflorescência folha 3 - I3; inflorescência folha 6 - I6 e inflorescência folha 9 - I9) foram cortadas em camadas de espessura fina (TLC), inoculados em meio de cultura Murashige & Skoog (MS) e em meio MS com metade das concentrações dos sais (1/2 MS) formando 10 tratamentos: T1 – MS; T2 – MS + 225 µM de Picloram; T3 – MS + 450 µM de Picloram; T4 – 1/2 MS; T5 – 1/2 MS + 225 µM de Picloram; T6 – 1/2 MS + 450 µM de Picloram; T7 – MS + 225 µM de 2,4-D; T8 – MS + 450 µM de 2,4-D; T9 – 1/2 MS + 225 µM de 2,4-D; T10 – 1/2 MS + 450 µM de 2,4-D. Os meios foram suplementados com sacarose (30g/L), phytagel (3g/L) e carvão ativado (3g/L) e mantido no escuro a 25 °C. Na inflorescência I0, houve formação de 100% de calos friáveis em todos os tratamentos, exceto no tratamento T4. Na I3, não houve formação de calos apenas no T9. Nos explantes I6 e I9, houve pouca formação de calos. O explante I3 teve indução de flor acima de 60% em todos seus tratamentos. Os explantes I6 e I9, tiveram taxa de indução de flor de 100% em quase todos seus tratamentos, com exceção do T10 na I9 que teve formação de flor em apenas 20% de seus explantes. Não houve formação de embriogênese somática em nenhum tratamento. Todas as inflorescências tiveram oxidação, entretanto as maiores taxas de oxidação (acima de 80%) ocorreram nas inflorescências mais velhas (I6 e I9). A formação de calos friáveis ocorreu em todas inflorescências, mas a indução foi maior nos explantes das inflorescências mais jovens (I0 e I3), diferente da indução de flor que, apesar de ter ocorrido em todos os explantes, teve maiores taxas nas inflorescências I6 e I9. Assim, a indução de calos do híbrido interespecífico BRS Manicoré pode ser melhor obtida a partir de inflorescências jovens I0 e I3 através da técnica de TLC.

Palavras-chave: BRS Manicoré; Calos; TLC.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, UFRA, Embrapa e Marborges Agroindústria pelo apoio no desenvolvimento da pesquisa.



INDUÇÃO DE CALOS A PARTIR DE FLORES OBTIDAS *IN VITRO* DO HÍBRIDO INTERESPECÍFICO DE DENDEZEIRO ATRAVÉS DO MÉTODO THIN CELL LAYER

Marcília Gabriella Tavares Monteiro^{1*}; Joanne Moraes de Melo Souza²; Hugo Alves Pinheiro²; Oriel Filgueira Lemos³

¹Universidade Federal Rural da Amazônia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia. ²Universidade Federal Rural da Amazônia. ³Embrapa Amazônia Oriental.

*E-mail do autor apresentador: gabytmonteiro@gmail.com

O híbrido interespecífico BRS manicoré (*E. oleífera* x *E. guineenses*) da palma de óleo tem sua reprodução feita, exclusivamente, por sementes, que tem como inconveniente a formação de plantios heterogêneos. Assim, a cultura de tecidos é uma alternativa para propagação clonal deste híbrido. O objetivo do trabalho foi estudar as respostas morfogênicas das flores obtidas *in vitro* do híbrido BRS Manicoré cortadas em camadas finas de 1mm (Thin Cell Layer). Para isso flores obtidas *in vitro* a partir de inflorescências imaturas do híbrido BRS Manicoré foram usadas como explantes e inoculadas em meio básico Y3 com Picloram ou 2,4-D e diferentes concentrações de 2ip compondo os seguintes tratamentos: T1: Y3; T2: Y3 + Picloram (9 µM); T3: Y3 + Picloram (9 µM) + 2 ip (9 µM); T4: Y3 + Picloram (9 µM) + 2 ip (12 µM); T5: Y3 + 2,4-D (9 µM); T6: Y3 + 2,4-D (9 µM) + 2 ip (9 µM); T7: Y3 + 2,4-D (9 µM) + 2 ip (12 µM). Os meios de cultura foram suplementados com sacarose (45mg/L), phytigel (3g/L) e Carvão ativado (3g/L). O material foi mantido em sala de crescimento no escuro a 25°C por 90 dias. A indução de calos ocorreu nos tratamentos contendo Picloram e 2ip (T3 e T4) e o tratamento contendo 2,4-D (T5). Destes, o tratamento suplementado com a dose mais elevada de 2ip em combinação com o picloram foi melhor para a indução de calos com 64% de calogênese. Os calos eram pequenos, friáveis, na cor bege, distribuídos sobre a superfície dos explantes. Não foi observado a indução de flores e nem a formação de embriogênese somática. Observou-se uma baixa porcentagem de contaminação. A oxidação esteve presente em todos os tratamentos, sendo mais elevada no T4. Embora tenha ocorrido indução de calos nos meios com os dois tipos de auxinas, a maior taxa de formação de calos ocorreu no meio com Picloram contendo 2ip, mesmo tratamento que apresentou a maior taxa de oxidação, demonstrando com isso que a oxidação não impede que ocorra resposta morfogênica. Desta forma, flores induzidas *in vitro* cortadas através do método TLC demonstram ser bons explantes para a indução de calos friáveis em meio Y3 contendo Picloram e 2ip.

Palavras-chave: Palma de óleo; calogênese, flores

Agradecimentos: CNPq, CAPES, UFRA, Embrapa e Marborges Agroindústria pelo apoio no desenvolvimento da pesquisa.



SISTEMA REPRODUTIVO E PARÂMETROS GENÉTICOS DE PROGÊNIES DE *Parkia multijuga* Benth

Ariane Mendes Oliveira^{1*}; Marciel José Ferreira¹; Santiago Linorio Ferreyra Ramos¹; Mágnio Sávio Ferreira Valente²; Ricardo Lopes³; Monica De Souza Barbosa¹; Maria Teresa Gomes Lopes¹

¹Universidade Federal do Amazonas. ²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Amazonas; ³Embrapa Amazônia Ocidental.

*mtglopes@hotmail.com

Parkia multijuga é uma das espécies nativas arbóreas da Amazônia que possui características silviculturais potenciais para a composição de plantios de produção. A seleção de genótipos superiores em testes de progênies dessa espécie é uma alternativa promissora para obtenção de sementes visando produzir mudas para novos plantios. Os objetivos desse trabalho foram caracterizar o sistema reprodutivo e estimar variabilidade fenotípica de progênies da espécie visando identificar progênies superiores. O experimento na Fazenda Experimental da UFAM, Manaus. Para o estudo de sistema reprodutivo, foram amostradas 14 plantas de 13 progênies, totalizando 182 plantas. Foi coletado material vegetal (folhas) das 13 plantas mães e das 182 plantas, extraído DNA e analisados com 7 locos microssatélites. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas de um ensaio experimental de campo com 14 progênies de *P. multijuga* implementado seguindo o delineamento de blocos casualizados. O monitoramento das plantas durante dois anos permitiu obter as estimativas de parâmetros genéticos como herdabilidade, acurácia e ganho de seleção para as características silviculturais altura, diâmetro do coleto, área de copa, taxa crescimento absoluto e taxa crescimento relativo. As análises foram realizadas a partir do modelo REML/BLUP no programa estatístico SELEGEM. As estimativas dos parâmetros do sistema de cruzamento obtidas nesse estudo indicam que *P. multijuga* é uma espécie alógama. As 13 progênies estudadas se destacaram por ser representada principalmente por meio-irmãos, mas os cruzamentos não foram aleatórios devido à ocorrência de algum acasalamento correlacionado, resultando em alguns irmãos completos dentro das progênies. Os valores elevados de acurácia indicam boa precisão experimental e mostram que a seleção dos genótipos superiores pode ser realizada com segurança para os caracteres taxa de crescimento absoluto e relativo para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa avaliados em genótipos de *P. multijuga*. O período de 28 e 34 meses é o mais indicado para a realização de uma única avaliação pontual para altura de planta, diâmetro do coleto e área de copa de *P. multijuga* nas condições de plantio da Amazônia Central.

Palavras-chave: Melhoramento florestal; marcador microssatélite; genética florestal.

Agradecimentos: UFAM, CNPQ, FAPEAM e Capes.



Comparação de descritores morfológicos e de peso de cacho entre o genótipo de bananeira Bagban180, novo acesso do subgrupo Prata, e 'Prata Anã'

Ramon Felipe Scherer^{*1}; André Boldrin Beltrame¹; Luana Aparecida Castilho Maro¹.

¹EPAGRI – Estação Experimental de Itajaí

^{*}E-mail: ramonscherer@epagri.sc.gov.br

A produção comercial de banana no Brasil está baseada em dois subgrupos, Prata (AAB) e Cavendish (AAA). Apesar disso, existem poucos cultivares registrados de ambos subgrupos no país, resultando em uma estreita base genética e tornando a geração de novos cultivares essencial para a cadeia produtiva. Desta maneira, a Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri) com o apoio de um produtor rural, selecionou na região do litoral sul catarinense um genótipo do subgrupo Prata, derivado do 'Prata Anã' via mutação espontânea, por apresentar uma maior produtividade. O novo genótipo foi nomeado com o código BagBan180 e plantado na Epagri, Estação Experimental de Itajaí no estado de Santa Catarina, para a realização das avaliações pertinentes. Neste trabalho comparamos características morfológicas do novo genótipo com as do 'Prata-Anã' de acordo com os descritores internacionais (Descriptors for Banana (*Musa* spp.) - Ipagri-Inibap/Cirad), assim como comparamos também o peso médio do cacho de 3 primeiros ciclos de ambos genótipos. A comparação do peso de cacho dos dois genótipos em cada ciclo contou com 4 blocos casualizados, sendo que cada repetição foi composta por 12 plantas (totalizando 48 plantas por tratamento) e as análises comparativas de cada avaliação foram feitas pelo teste t de Student (95% de confiabilidade). Em relação ao peso médio do cacho, o genótipo Bagban180 apresentou maior peso de cacho no 1º ciclo (18,99Kg contra 13,85Kg) e no 3º ciclo (20,53 Kg contra 18,8 Kg); o segundo ciclo não apresentou diferença (15,93 Kg do Bagban180 contra 15,03 Kg do 'Prata Anã'). Já em relação às características morfológicas dos genótipos, dos 109 descritores observados até o momento, de um total de 118, nenhum deles apresentou diferença entre os dois genótipos. Ou seja, ao mesmo tempo em que o genótipo Bagban180 apresentou maior peso de cacho, ele também apresentou muita semelhança morfológica ao 'Prata-Anã', que é um dos principais cultivares do subgrupo Prata e produz frutas que apresentam grande demanda do mercado consumidor brasileiro de fruta fresca. Desta forma, este novo genótipo do subgrupo Prata demonstra enorme potencial para uso comercial no Brasil.

Palavras-chave: *Musa* spp., Subgrupo Prata, Melhoramento Vegetal.

Agradecimentos: FINEP, FAPESC e CNPq.



DIVERSIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES NUTRICIONAIS EM PROGÊNIES DE *Cariniana estrellensis* (Raddi) Kuntze

Emanoelle dos Santos Bezerra^{1*}; Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota¹; Marcela Aparecida de Moraes²; Patrícia Ferreira Alves¹; Selma Maria Bozzite de Moraes¹; Alexandre Marques da Silva¹; Miguel Luiz Menezes Freitas³; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹.

¹Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/FEIS-UNESP; ²Faculdade de Ciências Agrônomicas/FCA-UNESP; ³ Instituto Florestal de São Paulo, IF.

*manusb.sh@gmail.com.

A diversidade genética em espécies nativas é de grande importância para direcionar estratégias em programas de conservação e melhoramento. A variabilidade genética em progênies está diretamente relacionada a sua composição química, que em quantidades adequadas garante a sobrevivência das espécies florestais. *Cariniana estrellensis*, conhecida como jequitibá-branco, é uma árvore com destaque madeireiro, medicinal e ecológico, sendo também indicada na restauração ambiental. O objetivo foi estimar a diversidade genética para os teores de macronutrientes em progênies de *C. estrellensis*. Foram coletadas amostras de tecido foliar em progênies de jequitibá-branco, aos quatro anos de idade, o teste está localizado no município de Selvíria - MS (Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, UNESP). O delineamento foi de blocos casualizados, com 35 progênies (tratamentos), quatro repetições e uma planta por parcela, no espaçamento de 4,0 m x 1,5 m. Os macronutrientes avaliados foram nitrogênio (N), fósforo (P), potássio (K), cálcio (Ca), magnésio (Mg) e enxofre (S) e as análises foram realizadas com base na digestão sulfúrica (N) e na digestão nítrico-perclórica (P, K, Ca, Mg e S). As estimativas de diversidade genética a partir do método de otimização de Toucher pela distância de Mahalanobis foram obtidas pelo programa GENES. Todos os teores de macronutrientes apresentaram diferenças significativas a 5% de significância pelo Teste-F. O coeficiente de variação genética foi alto, variando de 9,42% (N) a 32,48% (Mg). Na análise de agrupamento de Toucher pela distância de Mahalanobis, as progênies foram agrupadas em três grupos distintos, Grupo I (26, 28, 29, 18, 22, 34, 35, 23, 8, 33, 20, 13, 6, 3, 24, 16, 2, 17, 7, 15, 19, 9, 10, 21, 4, 5, 12, 30, 14, 1, 11, 25, 32), Grupo II (31) e Grupo III (27). Portanto, recomenda-se o cruzamento entre indivíduos das progênies de grupos distintos para a obtenção de maiores ganhos na seleção em relação aos teores de nutrientes nas folhas. Dessa forma, o presente banco de germoplasma, na forma de teste de progênies, apresenta expressiva variação genética para os teores dos macronutrientes, o que permite a sua utilização, como uma população base, em um programa de melhoramento e no fomento dessa espécie arbórea na recuperação de áreas degradadas da região do Bolsão sul-mato-grossense.

Palavras-chave: composição química; jequitibá-branco; método de otimização de Toucher.

Agradecimentos: PIBIC/CNPq - Instituto Florestal; Pontal Flora.



DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENOTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFC

Emanuel Magalhães da Costa^{1*}; Érika Beatriz de Lima Castro¹; Angela Maria dos Santos Pessoa²; Tomil Ricardo Maia de Sousa³; Ana Kelly Firmino da Silva³, Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini⁴

¹Graduando em Agronomia. UFC; ²Bolsista DCR/FUNCAP/CNPq. UFC. ³Engenheiro(a) Agrônomo(a) da UFC. ⁴Professora/ Orientadora. Centro de Ciências Agrárias da UFC. *emanuelmagalhaes0@gmail.com.

A divergência genética é um dos indicadores mais importantes para o início de um programa de melhoramento genético, pois auxilia na identificação de genitores com potencial para a formação de uma progênie com valor genético superior ao dos parentais, favorecendo assim, programas de melhoramento. Diante disso, objetivou-se com esse trabalho avaliar a divergência genética de genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L) Walp), visando à seleção de parentais superiores. Foram avaliados 44 genótipos de feijão-caupi em experimento conduzido no setor de horticultura da Universidade Federal do Ceará (UFC), em Fortaleza-CE. Para a caracterização morfoagronômica foram avaliados 15 caracteres quantitativos: altura da planta (AP), dias para floração (DIAFL), dias para frutificação (DIAFR), diâmetro do caule (DC), número de nós no ramo principal (NNRP), comprimento da vagem verde (CVV), peso da vagem verde (PVV), número de lóculos da vagem (NL), largura da vagem verde (LVV), espessura da vagem verde (EVV), espessura dos grãos verdes (EGV), peso de grãos por vagem verde (PGVV), número de grãos por vagem (NGV) e comprimento de grãos verdes (CGV). O experimento foi conduzido em delineamento de blocos aumentados, com seis plantas por parcela. Para análise de divergência genética, utilizou-se o método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Os genótipos foram agrupados em dez grupos distintos, apresentando divergência genética. A formação desses grupos é importante na indicação de genitores com potencial para obter novas combinações híbridas. Os grupos VI, VII, VIII, IX e X foram os mais divergentes, separando apenas um genótipo por grupo. O método de otimização de Tocher agrupa indivíduos previamente definidos como mais divergentes de forma isolada em grupo distinto. Os genótipos CE-986, CE-1002, CE-682, CE-248 e CE-968 são indicados para continuar o programa de melhoramento de feijão-caupi da UFC.

Palavras-chave: Divergência; melhoramento-genético; feijão-caupi.

Agradecimentos: CNPQ, UFC, FUNCAP, BAG-UFC, NUMERG.



DESEMPENHO DE LINHAGENS DE ALGODOEIRO NO SERTÃO DO PAJEÚ PERNAMBUCANO

Marleide Magalhães de Andrade Lima¹; Tarcisio Marcos de Souza Gondim¹; Francisco José Correia Farias¹; José Wellington dos Santos¹; Osmundo Pereira Lima²; José Marcelo Dias³; José Henrique Assunção³ (¹Pesquisador - Embrapa Algodão; ²Assistente – Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA; ³Assistente – Embrapa Algodão) - e-mail: marleide.lima@embrapa.br)

O algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.) é cultivado de forma intensiva nas regiões de Cerrado brasileiro, contribuindo com cerca de 95% da produção nacional. No entanto, nichos de mercado na região semiárida precisam ser supridos com algodões coloridos e/ou de fibra longa. A obtenção e a caracterização da variabilidade genética é uma estratégia para o uso eficiente dos recursos genéticos vegetais nos programas de melhoramento genético. Genes de interesse são identificados e utilizados para o desenvolvimento de novas cultivares de algodão, enquanto genótipos com características desejáveis são usados como genitores recorrentes no processo de melhoramento para qualidade de fibra. O principal propósito deste ensaio foi avaliar genótipos de algodão sob condições de sequeiro no Sertão do Pajeú, região representativa do semiárido nordestino. O ensaio foi conduzido em sequeiro empregando-se dez linhagens em fases finais de desenvolvimento e três testemunhas: BRS 416, BRS 286 e BRS 293, no período chuvoso de 2020, na Estação Experimental do IPA em Serra Talhada-PE (Lat.: 07°59'31" S; Longitude 38°17'54" W; Alt: 429 m). O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso, com quatro repetições e parcelas experimentais de duas linhas de cinco metros. As variáveis avaliadas foram: produtividade de algodão em caroço (PAC - @/ha), percentagem de fibra (PF - %), peso médio de um capulho (P1C - g), produtividade de algodão em pluma (PAP - @/ha), comprimento de fibra (Comp - mm), resistência de fibra (Res - gf/tex), índice micronaire (Mic), uniformidade (Unf - %) e índice de fiabilidade (CSP) das cultivares e linhagens. Considerando-se as características agrônomicas e tecnológicas de fibra, foram selecionadas as linhagens CNPA BA 2013 – 163 e CNPA GO 2010 – 335, com destaque para a primeira em produtividade de algodão em caroço (2841 kg/ha), comprimento de fibra (32,79 mm), micronaire (4,0075), índices de fiabilidade (3465,5), resistência (34,55 gf/tex) e peso médio de um capulho (6,15 g); e para a segunda pela porcentagem de fibras (43,46 %), ambas linhagens superiores a pelo menos uma das testemunhas nessas características, cujas médias dos tratamentos diferiram entre si estatisticamente pelo teste de Scott & Knott (5%). Constatou-se que a exploração da plasticidade dos materiais é determinante no processo de seleção, como é o caso da linhagem CNPA BA 2013 – 163 que se constitui em forte candidata a nova cultivar para cultivo no semiárido.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*, melhoramento, qualidade de fibra.



AVALIAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE ARAUCÁRIA PARA IMPLEMENTAÇÃO DE POPULAÇÕES DE MELHORAMENTO E CONSERVAÇÃO GENÉTICOS

Larissa Lührs¹; Moeses Andriago Danner²; Guilherme Nichele da Rocha³; Valderês Aparecida de Sousa⁴; Bruno Marchetti de Souza⁵; Ananda Virginia de Aguiar⁶

¹Bolsista na Embrapa Florestas – larissaluhres@hotmail.com; ²Professor na UTFPR; ³Engenheiro Florestal; ⁴Pesquisadora na Embrapa Florestas; ⁵Doutorando na UNESP/Ilha Solteira; ⁶Pesquisadora na Embrapa Florestas

A *Araucaria angustifolia* (Bertol.) O. Kuntze tem ocorrência natural no Brasil sendo de grande importância ecológica e econômica para o país, principalmente para as regiões Sul e Sudeste. Muito utilizada para a extração de madeira e sementes, é classificada como espécie ameaçada de extinção pelo IBAMA. Através da caracterização genética e conservação, em bancos de germoplasma, é possível monitorar a variabilidade e estruturação genética da espécie, o que facilita o desenvolvimento de estratégias de conservação para araucária. Com o objetivo de estabelecer populações, visando o melhoramento e conservação genética da espécie, neste estudo se analisou diferentes progênies de araucária. No ano de 2017, nas regiões de Pato Branco e Coronel Vivida, foram implantadas 12 e 5 progênies, respectivamente, com diferentes delineamentos experimentais. Nos anos de 2018 e 2019 foram avaliados os parâmetros DAP (diâmetro a altura do peito) e altura dos indivíduos para que os genótipos de maior produtividade pudessem ser selecionados e dessem início a novas populações de melhoramento. Para isto, foi utilizado o programa Selegen/REML-BLUP, sendo que os resultados apontaram quatro progênies com desempenho superior na amostragem de Pato Branco e outras duas em Coronel Vivida. Com o mesmo software, foram estimados os componentes de variância e calculado o parâmetro herdabilidade. A herdabilidade individual na população de Pato Branco foi de 0,01 e 0,02 para os caracteres altura e DAP respectivamente, mostrando, assim, baixa variação genética entre as progênies testadas. Já em Coronel Vivida, a herdabilidade média das progênies foi de 0,14 para DAP e 0,03 para altura, sugerindo que as progênies testadas apresentam uma variação genética considerável para o caráter DAP, que pode ser explorada em programas de conservação e melhoramento da espécie. Através do programa R foi possível gerar esses mesmos dados de maneira mais visual para otimizar a interpretação dos resultados. Desse modo, será possível planejar plantios compostos por progênies conhecidas e com relevante variabilidade genética, favorecendo o uso sustentável e a manutenção dos recursos genéticos da espécie.

Palavras-chave: araucária, germoplasma, variabilidade.

Agradecimentos: Embrapa, CNPq e Funpinus.



DIVERSIDADE GENÉTICA DE MARACUJAZEIROS DO SONO (*Passiflora setacea* DC) EM VITÓRIA DA CONQUISTA, BA, BRASIL

Maurício Oliveira Paixão^{1*}; Thalana Souza Santos Silva¹; Rafaella Almeida Soares²; Messulan Rodrigues Meira³; Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva^{1,3,4}

¹Programa Multicêntrico em Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). *mauricio.opaixao@gmail.com. ²Curso de Ciências Biológicas, UESB. ³Programa de Ciências Ambientais, UESB. ⁴Departamento de Ciências Exatas e Naturais, UESB.

Passiflora setacea DC. é uma espécie de trepadeira perene com reprodução alógama autoincompatível, nativa do cerrado brasileiro. A espécie é encontrada endemicamente na Mata Atlântica e Caatinga. Popularmente é conhecida como maracujazeiro do sono. Em contextos de programas de (pré)melhoramento a *P. setacea* é utilizada tanto com os objetivos da comercialização dos frutos para alimentação, produção de sucos, medicamentos e ornamentação, assim como potencial fonte de genes de resistência a fatores de estresse bióticos e abióticos. O objetivo desse trabalho foi iniciar estimativas de diversidade genética a partir de análises descritivas relacionadas à heterozigosidade esperada (H_e), conteúdo informativo de polimorfismo (PIC) em indivíduos de *P. setacea* coletados em uma população presente na cidade de Vitória da Conquista, Bahia. As caracterizações foram baseadas em análise de polimorfismo genético acessado mediante marcadores moleculares ISSR. As amostras foliares de maracujazeiros do sono foram coletadas de 30 indivíduos em expedições de coleta a populações naturais no município de Vitória da Conquista. Após identificação e acondicionamento, as amostras tiveram o DNA extraído pelo método CTAB. Pós extração e quantificação das amostras, procedeu-se amplificação por meio da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) utilizando 12 *primers* ISSR. Os produtos gerados com a PCR foram separados em eletroforese horizontal em gel de agarose (2%). A separação dos produtos amplificados foi analisada a partir de imagens fotodocumentadas. As amplificações geraram um total de 137 marcadores, todas polimórficas, com média de 11,4 marcadores por *primer* ISSR. Os *primers* DiCA3'G, DiCA3'YG e TriCAC3'YC geraram o maior número de marcadores (14), enquanto os *primers* TriGTG3'YC e TriACG3'RC geraram o menor número de marcadores (oito). Os valores de PIC variaram de 0.32 a 0.34 (média de 0.33), enquanto os valores de H_e variaram de 0.39 a 0.44 (média de 0.42). Os valores encontrados possibilitam classificar esses *primers* como informativos ao menos para a população analisada. A variabilidade observada (H_e) é relativamente baixa, em se tratando de uma espécie alógama autoincompatível.

Palavras-chave: maracujazeiro; marcador molecular; polimorfismo.

Agradecimentos: FAPESB (PIE0014/2016 e DTE0001/2016), CNPQ (Projeto Universal), PMBqBM/UESB



IDENTIFICAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO RESISTENTES A CERCOSPORIOSE

Monalisa Cristina de Cól^{1*}; Guilherme Weirich Krause¹; Gabriela Bárbara da Silva Milani¹; Yasmin Pincegher Siega¹; Grace Karina Kleber Romani¹; Talita Durante Bosetti¹; Volmir Kist¹.

¹Instituto Federal Catarinense- Campus Concórdia.

*monalisacdecol@gmail.com

Cercospora zeae-maydis Tehon e Daniels e *C.zeina* Crous e Braun sp. nov são patógenos fúngicos causadores da doença foliar cercosporiose. Essa doença quando severa limita a produtividade do milho. A aplicação de fungicidas é uma alternativa inviável para os pequenos agricultores devido à instabilidade dos efeitos positivos sobre a produtividade e retorno financeiro. Assim, a resistência genética pode ser uma medida efetiva, racional e econômica no controle da cercosporiose em milho. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi identificar populações locais de milho resistentes à cercosporiose. O experimento foi conduzido em Concórdia - SC, na safrinha 2019/20, com 12 tratamentos, 10 variedades locais e 2 comerciais (testemunha). A condução do ensaio foi feita em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas de 4 linhas com 5 m de comprimento. A inoculação da doença ocorreu de forma espontânea, e a primeira avaliação foi realizada no início do estágio reprodutivo, quando surgiram os primeiros sintomas da doença. A severidade da cercosporiose foi estimada com a atribuição de notas com base na escala diagramática, avaliando todas as plantas da unidade experimental. A partir das notas de severidade foi obtida a variável área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os dados dessa variável foram submetidos a análise de variância e suas médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade do erro. A análise de variância revelou que existe diferença entre os tratamentos para a variável AACPD ($p < 0,05$). A partir da comparação das médias foi possível observar a existência de dois grupos distintos quanto a resistência à doença. As variedades de milho consideradas resistentes foram as T1, T5 e T8 (44,8 a 52,5), enquanto as demais foram consideradas suscetíveis, incluindo as variedades comerciais (63,2 a 82,3). Conclui-se com este trabalho que há variedades locais de milho sob manejo de agricultores familiares resistentes a cercosporiose.

Palavras-chave: *Cercospora zeae-maydis*; *C. zeina*; *Zea mays*.



AVALIAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO QUANTO A RESISTÊNCIA A HELMINTOSPORIOSE

Monalisa Cristina de Cól^{1*}; Guilherme Weirich Krause¹; Yasmin Pincegher Siega¹; Talita Durante Bosetti¹; Gabriela Bárbara da Silva Milani¹; Grace Karina Kleber Romani¹; Volmir Kist¹.

¹Instituto Federal Catarinense- Campus Concórdia.

*monalisacdecol@gmail.com

A helmintosporiose é uma doença fúngica causada por *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard e Suggs que promove lesões nos tecidos fotossintéticos e afeta negativamente a produtividade. A medida de controle mais eficiente se dá por meio do cultivo de populações resistentes ao patógeno. O objetivo desse estudo foi avaliar a resistência à helmintosporiose de variedades locais de milho na safrinha. Na safrinha 2019/20 foi conduzido um ensaio área experimental do Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia, SC, em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 12 tratamentos, 10 variedades locais e duas comerciais (testemunhas). Cada tratamento foi disposto em uma parcela constituída de 4 linhas de 5 m de comprimento. A inoculação da doença ocorreu de forma espontânea e a partir do surgimento dos primeiros sintomas iniciou-se as avaliações. Essas avaliações foram realizadas em intervalos semanais, analisando o número de plantas com lesão e o número de lesões por planta. Consequentemente foram atribuídas notas conforme a escala diagramática. Com a obtenção dos dados foi calculada a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). Os valores de AACPD foram submetidos a ANOVA e, em seguida, suas médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott ($p < 0,05$). Diferenças significativas foram verificadas entre os tratamentos para a variável AACPD. O teste de comparação de médias permitiu separar as populações em dois grupos. O primeiro grupo, com média inferior AACPD (95,5 a 121,8) foi constituído pelos tratamentos 1, 7, 8 e 9, sendo estas consideradas variedades resistentes ao patógeno. Já o segundo grupo, com médias superiores, foi formado pelas demais variedades, incluindo as testemunhas. Concluiu-se que algumas variedades locais de milho (tratamentos 1, 7, 8 e 9), conservadas e manejadas pelos agricultores familiares, apresentaram certo grau de resistência a helmintosporiose, sendo o seu cultivo recomendado principalmente em regiões de ocorrência do patógeno.

Palavras-chave: *Exserohilum turcicum*; *Zea mays*; Agricultura familiar.



VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Vigna unguiculata* (L) Walp POR MEIO DE CARACTERES BIOMÉTRICOS DE SEMENTES

Érika Beatriz de Lima Castro^{1*}; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini²; Emanuel Magalhães da Costa¹; Angela Maria dos Santos Pessoa³.

¹Graduando em Agronomia. Universidade Federal do Ceará; ²Professora do Centro de Ciências Agrárias. Universidade Federal do Ceará; ³Bolsista DCR/FUNCAP/CNPq. Universidade Federal do Ceará. *erika-beatriz@hotmail.com.

A existência de variabilidade genética é imprescindível em programas de melhoramento genético, pois é por meio dela que se torna possível a obtenção de genótipos superiores. Assim, informações a respeito da divergência genética são importantes, pois esta permite conhecer a variabilidade existente em cada espécie, para que, posteriormente, possa ser usado em programas de melhoramento. Dessa forma, esse trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética de acessos de feijão caupi (*Vigna unguiculata* (L) Walp) do Banco Ativo de Germoplasma-BAG da UFC, através de características das sementes. O trabalho foi realizado no laboratório de sementes da Universidade Federal do Ceará, Campus do Pici, no qual foram utilizados 30 acessos obtidos da coleção do BAG – UFC. As medidas biométricas das sementes foram adquiridas com os dados: 01) Comprimento da semente (cm): sentido longitudinal; 02) Largura da semente (cm): sentido transversal; 03) Espessura da semente (cm). Sendo as medições realizadas com auxílio de um paquímetro digital, utilizando quatro repetições de 10 sementes para cada tratamento (acesso). Além disso, avaliou-se o peso das sementes (g) em cada repetição, por meio de uma balança digital. A divergência genética foi analisada pelo método de agrupamento de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, sendo formados ao total sete grupos distintos. Observou-se que os grupos 6 e 7 obtiveram maior divergência, correspondendo aos acessos CE-987 e CE-503, respectivamente. Ademais, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade variaram de 16,23 a 88,47%, sendo estes, espessura e comprimento da semente, respectivamente. Com isso, os genótipos que apresentaram maior variabilidade foram CE-987 e CE-503, sendo indicados, portanto, para futuros programas de melhoramento de feijão-caupi na UFC.

Palavras-chave: Divergência, melhoramento-genético e feijão-caupi.

Agradecimentos: UFC, BAG-UFC, NUMERG.



NODULAÇÃO DE RIZÓBIO EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI

Emanuel Magalhães da Costa^{1*}; Érika Beatriz de Lima Castro¹; Paloma Kílvia Ferreira Brandão²; Angela Maria dos Santos Pessoa³; Ana Kelly Firmino da Silva⁴. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini⁵

¹Graduando(a) em Agronomia, UFC. ²Graduanda em Engenharia de Alimentos, UFC.

³Bolsista DCR/FUNCAP/CNPq. UFC. ⁴Engenheiro(a) Agrônomo(a) da UFC.

⁵Professora/ Orientadora. Centro de Ciências Agrárias da UFC.

*emanuelmagalhaes0@gmail.com.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) assim como outras leguminosas, possui a capacidade de nodulação e fixação biológica do N² atmosférico em simbiose com bactérias do gênero *Rhizobium*. Na cultura da soja essa fixação biológica já pode suprir todo o N necessário à cultura, economizando os gastos com fertilizantes químicos. Diante disso, objetivou-se avaliar a capacidade de nodulação de rizóbio em genótipos de feijão-caupi, visando a seleção de genótipos superiores. Foram avaliados oito genótipos de feijão-caupi em experimento conduzido na área de regeneração de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal do Ceará (BAG-UFC), em Fortaleza-CE. Para as análises quantitativas foram avaliadas os seguintes caracteres: número de nódulos por planta (NNP), altura da planta (AP) e número de folhas (NF). Os nódulos foram observados 15 dias após plantio, antes de se realizar o desbaste e a adubação nitrogenada, assim como a altura das plantas e o número de folhas. O experimento foi analisado no delineamento em blocos aumentados, com seis plantas por parcela. Para cálculo das variâncias residuais, utilizaram-se duas cultivares como testemunhas adicionais (BRS Guariba e Setentão). O experimento foi analisado com dez repetições de cada genótipo. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Esse teste tem por objetivo separar as médias em grupos homogêneos. Assim, foi observada uma diferença significativa em relação ao número de nódulos e altura da planta, apenas o genótipo CE-212 apresentou diferença significativa no número de folhas. Os genótipos que formaram um maior número de nódulos foram CE-143, CE-212, CE-343, CE-596 ('Setentão') e CE-731, com maior altura de planta foram CE-300, CE-596, CE-730 e CE-723. Os genótipos CE-143, CE-212, CE-343 e CE-731 são indicados para estudos complementares visando programa de melhoramento em feijão-caupi.

Palavras-chave: Melhoramento-genético; feijão-caupi; Nodulação.

Agradecimentos: CNPQ, UFC, FUNCAP, BAG-CAUPI, NUMERG.



VIABILIDADE DE CRUZAMENTOS DE ESPÉCIES DE PIMENTAS

Ivanayra da Silva Mendes¹; Jardel Oliveira Santos¹; Daniele Lima Rodrigues²

¹Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal do Maranhão. ²Centro de Ciências Agrárias, Naturais e Letras, Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão. *E-mail do autor apresentador: iva.nayra@hotmail.com

O gênero *Capsicum* inclui as pimentas e pimentões e a sua diversidade contribui com uma variedade de caracteres relevantes para o mercado de hortaliças. As hibridações em programas de melhoramento de *Capsicum* possibilitam a transferência de caracteres monogênicos, e assim maior exploração dos genes de interesse presentes em cada espécie. Desta forma, objetivou-se obter híbridos de pimentas a partir de genótipos cultivados/comercializados no Estado do Maranhão. Os genitores usados foram: UFMA-09 (*C. baccatum*), UFMA-10, UFMA-11 e UFMA-15 (*C. annum*) e UFMA-14 (*C. chinense*), pertencentes à coleção de *Capsicum* spp. do Centro de Ciências Agrárias e Ambientais da Universidade Federal do Maranhão. Foram avaliados dentro dos cruzamentos o número de sementes; cor do hipocótilo; pubescência do hipocótilo; cor da folha cotiledonar; formato da folha cotiledonar; comprimento da folha cotiledonar; largura da folha cotiledonar. As hibridações produziram frutos e sementes, indicando a inexistência de barreira reprodutiva nos genitores em dez cruzamentos (UFMA-09xUFMA-10, UFMA-10xUFMA-15, UFMA-10xUFMA-14, UFMA-10xUFMA-11, UFMA-11xUFMA-09, UFMA-11xUFMA-14, UFMA-14xUFMA-09, UFMA-15xUFMA-11, UFMA-15xUFMA-09, UFMA-15xUFMA-14). O cruzamento UFMA-15xUFMA-14 obteve maior número de sementes por fruto (98) e na sequência foram os cruzamentos UFMA-10xUFMA-11 e UFMA-15xUFMA-09 (43). Com exceção do cruzamento UFMA-15xUFMA-14, os cruzamentos envolvendo *C. chinense* (UFMA-14) apresentaram as menores médias de sementes híbridas por fruto. Os cruzamentos UFMA-09xUFMA-10, UFMA-11xUFMA-14, UFMA-14xUFMA-09 e UFMA-15xUFMA-09 produziram sementes inviáveis. As espécies *C. baccatum* e *C. annum* integram complexos gênicos distintos, podendo explicar a produção de sementes inviáveis. O mesmo se aplica ao cruzamento com as espécies *C. chinense* e *C. baccatum*. O hipocótilo das plântulas expressaram coloração branca (UFMA-10xUFMA-15 e UFMA-10xUFMA-14), verde (UFMA-10xUFMA-11 e UFMA-11xUFMA-09) e roxa (UFMA-15xUFMA-11 e UFMA-15xUFMA-14). Para pubescência do hipocótilo a maioria apresentou-se dispersa e apenas os híbridos UFMA-11xUFMA-09 e UFMA-15xUFMA-14 intermediário. A folha cotiledonar apresentou coloração verde para maioria dos híbridos, onde o formato variou entre lanceolada (UFMA-11xUFMA-09, UFMA-15xUFMA-11 e UFMA-15xUFMA-14) e deltoide-alongada (UFMA-10xUFMA-15, UFMA-10xUFMA-14 e UFMA-10xUFMA-11). A maior média de comprimento da folha cotiledonar foi no híbrido UFMA-15xUFMA-11 com 0,87 cm, sendo a maior largura observada nos híbridos UFMA-11xUFMA-09 e UFMA-15xUFMA-14 com 0,40 cm. Cruzamentos entre *C. baccatum* e *C. annum* (UFMA-09xUFMA-10), *C. annum* e *C. chinense* (UFMA-11xUFMA-14), *C. chinense* e *C. baccatum* (UFMA-14xUFMA-09) e *C. annum* x *C. baccatum* (UFMA-15xUFMA-09) não ocorreu germinação das sementes, sendo desta forma, inviáveis.

Palavras-chave: *Capsicum* sp., melhoramento genético, sementes inviáveis.

Agradecimentos: Ao Centro de Ciências Agrárias e Ambientais da UFMA pelo suporte físico para instalação e condução do experimento. A UFMA pela concessão da bolsa de IC. A FAPEMA pelo apoio financeiro.



‘BRS TAINÁ’: NOVA CULTIVAR DE UVAS SEM SEMENTES DE COR BRANCA PARA O SUBMÉDIO DO VALE DO SÃO FRANCISCO

Patrícia Coelho de Souza Leão; Rita Mércia E. Borges; Nataniel Franklin de Melo; Maria Angélica Guimarães Barbosa; Maria Auxiliadora Coêlho de Lima; Rodrigo César Flores; Aline Telles Biasoto Marques

¹Embrapa Semiárido, BR 428, Km 152, Zona Rural, Petrolina, PE.
*patricia.leao@embrapa.br

O programa de melhoramento genético ‘Uvas do Brasil’ da EMBRAPA apresenta a cultivar ‘BRS Tainá’, sendo esta, a primeira cultivar de uva desenvolvida em todas as etapas do melhoramento genético, desde o cruzamento até a validação nas condições ambientais tropicais semiáridas. ‘BRS Tainá’ é o resultado de um intenso esforço para disponibilizar aos produtores de uva da região uma cultivar branca sem os altos custos de licenciamento, ou royalties, exigidos para o cultivo das cultivares estrangeiras procedentes de empresas privadas de melhoramento genético. ‘BRS Tainá’ é resultante do cruzamento Sugaone X Marroo Seedless, realizado em 2004 nas videiras do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semiárido no Campo Experimental de Mandacaru, em Juazeiro, BA (9°24’S, 40°26’O e 365,5m de altitude). Considerando-se que ambos genitores são genótipos de uvas sem sementes, utilizou-se a técnica de resgate de embriões imaturos e cultivo em meio de cultura para recuperação das plantas, realizada no laboratório de biotecnologia da Embrapa Semiárido em Petrolina, PE. No período 2015 à 2019 foram implantados testes para validação em áreas comerciais de cinco empresas privadas parceiras em Petrolina, PE. Os resultados obtidos demonstraram desempenho agrônomo, qualidade da uva, pós colheita, bem como análise sensorial e teste de consumidor satisfatórios. Apresenta características desejáveis em uvas para o consumo in natura como bagas firmes, crocantes, com boa aderência ao pedicelo e traços minúsculos e imperceptíveis de sementes. As uvas maduras caracterizam-se por coloração amarelada da casca (ângulo de cor médio de 116,58-118,26), com brilho mediano (valores de 43,01-45,73) e baixa pureza da cor (croma médio de 10,31-11,90), em decorrência da cera superficial; alta firmeza (5,81-5,97 N) e resistência da baga à compressão (24,30-24,62 N); teor de sólidos solúveis médios de 19°Brix; baixa acidez titulável (0,47-0,54% ácido tartárico), o que confere sabor neutro e agradável às uvas, e teor de polifenóis que podem atingir 105mg.100g⁻¹. Em 2019, a Embrapa Semiárido solicitou ao Ministério da Agricultura (MAPA), a proteção e registro da nova cultivar ‘BRS Tainá’, à qual constitui-se uma opção especialmente para os pequenos e médios produtores de uvas de mesa públicas, os quais poderão adquirir mudas nos viveiristas licenciados.

Palavras-chave: videira; uva sem semente; nova cultivar; melhoramento genético.

Agradecimentos: aos estudantes bolsistas e estagiários cuja colaboração foi essencial ao desenvolvimento desta nova cultivar de videira da Embrapa



ESTIMATE OF *Pinus elliotii* Engelm. GENETIC PARAMETERS FOR WOOD PRODUCTION

Wanderley dos Santos¹, Daniele Fernanda Zulian², Darlin Ulises Gonzalez Zaruma², Mário Luiz Teixeira de Moraes², Jarbas Yukio Shimizu³, Ananda Virginia de Aguiar⁴; Miguel Luiz Menezes Freitas⁵

¹Pesquisador autônomo. ²Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho". ³Fundo Cooperativo para Melhoramento de Pinus. ⁴EMBRAPA Florestas. ⁵Instituto Florestal Estado de São Paulo. *E-mail: wanderley.dossantos@hotmail.com

The breeding cycle of forest species such as *Pinus elliotii* is very long and can reach 25 years or more. For being a promising species and of great interest in the national and international markets. Among the methods used, early selection of individuals has shown good results for forest species. The present work objective was to estimate the genetic parameters of a *P. elliotii* elite progeny test, aiming the selection of individuals for wood production and genetic resources conservation. Thus, a *P. elliotii* progeny test, composed of individuals selected from different commercial stands in southeastern Brazil, was implemented in Ribeirão Branco-SP in 2009. The blocks experimental design was adopted with one-tree-plot and 3 m x 3 m spacing; total of 40 blocks with 76 treatments (75 open pollinated progenies and one control treatment). The REML/BLUP method was used. Significant differences ($p < 0.01$) were observed between progenies for the whole quantitative traits. The evaluated traits were: total height (H) and diameter at breast height (Dbh). Estimates of the genetic parameters for the traits were analyzed using mixed linear model by REML / BLUP (restricted maximum likelihood / best non-biased linear prediction) using the SELEGEN software. Significant differences between progenies for growth traits were detected. The survival rate was high (97%), which indicates good adaptation of the species to the planting system and location. The population presented average good development in height and diameter at breast height at the age of 10 years old (12.86 m and 20.51 cm). Individual heritability (H: 0.21; Dbh: 0.25) and progeny heritability (H: 0.81; Dbh: 0.87) were high for both traits. The population presents a good genetic control for wood traits. The selected individuals will be used to establish breeding and conservation populations of the species, and with the final results obtained we can infer that these populations have potential to use their progenies in breeding programs.

Keywords: genetic breeding; selected individuals; REML / BLUP.

Acknowledgments: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (processo CNPq: 153200/2018-9; processo CNPq: 302215/2018-2), Fundo Cooperativo para Melhoramento de Pinus (Funpinus), Instituto Florestal de São Paulo, Embrapa Floresta, Pinara Reflorestamento, Recena-Resinas Óleos E Ceras Essenciais e Resinas Brasil (grupo RB).



REDE DE CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERÍSTICAS DE PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE FRUTO EM LINHAGENS F₅ DE MAMOEIRO

Josefa Grasiela Silva Santana^{1*}; Helaine Christine Cancela Ramos¹; Julio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Renato Santa Catarina¹; Daniel Pereira Miranda¹; Adriana Azevedo Vimercati Pirovani¹; Rafaela Pereira Duarte¹; Messias Gonzaga Pereira¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF.

*grasi_agronomia@hotmail.com

Para fins de melhoramento de plantas os estudos de correlação ajudam a determinar quais características em que a seleção pode ser baseada. Várias características que apresentam estruturas de correlação são utilizadas para mensurar a diversidade genética em mamoeiro (*Carica papaya* L.). A proposta desse trabalho foi construir uma rede de correlações para demonstrar a estrutura de correlações entre características de produtividade e qualidade de fruto em linhagens de mamoeiro. As linhagens F₅ fizeram parte de ensaio de competição de híbridos e linhagens em delineamento látice 13 x 13 com cinco repetições e duas plantas por parcela, conduzido na área comercial da Empresa Caliman Agrícola S.A., em Linhares – ES. Observações fenotípicas de 14 características foram mensuradas em 97 linhagens F₅, sendo sete mensuradas na planta (altura da inserção do primeiro fruto (AIPF), altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de frutos comerciais (NFC), número de frutos deformados (NFD), número de nós sem fruto (NSF) e produtividade (PROD)), e outras sete características mensuradas no fruto (peso médio de fruto (PMF), firmeza de fruto (FF), firmeza da polpa (FP), teor de sólidos solúveis (TSS), espessura da polpa (EP), volume da polpa (VP), rendimento da polpa (REND)). A matriz de correlação fenotípica foi utilizada para criar uma rede de correlação ponderada com o algoritmo Fruchterman-Reingold criando um layout para rede direcionado pela força, em que a proximidade entre os nós (características) é proporcional ao valor absoluto de correlação entre esses nós. A estrutura de ligação mais evidente em todo o sistema que constitui a rede é o grupo formado pelas características PMF, EP e VP, que compartilham de alta magnitude de correlação positiva, além disso a característica PMF compartilha de correlações positivas moderadas com as características relacionadas com a arquitetura da planta (AP, AIPF e DC). Já a EP apresenta correlação positiva moderada com REND. A segunda estrutura perceptível existente é o grupo de características PROD, NFC e NFD. Neste grupo uma correlação positiva de alta magnitude é compartilhada entre PROD e NFC, e entre NFC e NFD. Outra estrutura é formada pelas características AP, DC e AIPF, na qual DC compartilha correlações positivas moderadas com AP e AIPF, enquanto a correlação positiva de alta magnitude se dá entre AP e AIPF. As características de fruto (FF e FP) compartilham correlação moderada entre si, enquanto TSS não participou de nenhuma estrutura com outras características. Portanto, visto que tanto características correlacionadas quanto grupos de características podem ser identificados, a rede de correlação entre as características de planta e fruto em mamoeiro podem aumentar a eficácia da seleção de genótipos superiores em populações segregantes e bancos de germoplasma.

Palavras-chave: *Carica papaya* L., estruturas de correlação, melhoramento de plantas.

Agradecimentos: CAPES– Código de Financiamento 001.



ENSAIO DE VALOR DE CULTIVO E USO DE ALGODOEIRO HERBÁCEO NO SEMIÁRIDO NORDESTINO

Francisco José Correia Farias¹; Marleide Magalhães de Andrade Lima¹;
Tarcísio Marcos de Souza Gondim¹; José Wellington dos Santos¹;
José Henrique de Assunção¹; José Marcelo Dias¹; Osmundo Pereira
Lima² ¹Embrapa Algodão; ² Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA
– E-mail: francisco.farias@embrapa.br

Umas das estratégias utilizadas com sucesso nos diferentes programas de melhoramento do algodoeiro herbáceo (*Gossypium hisutum*, L.) é a utilização dos recursos genéticos visando a exploração da variabilidade genética existente nas diferentes espécies do gênero *Gossypium*. Para atender a busca de novas linhagens de algodoeiro adaptadas à região semiárida são conduzidos anualmente ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em alguns municípios do Nordeste. Em 2020, o ensaio de VCU foi avaliado no município de Serra Talhada-PE (Lat.:07°59'31"S; Longitude:38°17'54"W; Alt: 429m). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com 4 repetições. Foram avaliados 18 genótipos, sendo três testemunhas (FM 910, BRS 336 e BRS 416) e 15 linhagens. As características agronômicas e tecnológicas de fibras avaliadas foram: peso de 1 capulho (P1C), produtividade de algodão em caroço (PROD); produtividade de algodão em fibra (PRODF); porcentagem de fibra (PF); comprimento de fibra (COMP); resistência (RES); índice micronaire (FIN) e fiabilidade (FIAB). O agrupamento das médias dos tratamentos foi realizado pelo teste de Scott & Knott a 5%. Para a produtividade da fibra (PRODF), as maiores médias foram obtidas pelos genótipos CNPA BA 2016-1294, FM 910 e CNPA BA 2016-3788 que superaram as testemunhas BRS 336 e BRS 416 com uma produtividade média acima de 1000 kg de fibra /ha. Para o caráter PF, foram formados três grupos distintos, com destaque para as linhagens CNPA BA 2016-3788 (44,37%), CNPA BA 2016-1299 (44,03%), CNPA BA 2015-1754 FL (44,03) que obtiveram valores médios de PF superiores a 44%. As menores médias para este caráter foram obtidas pelos genótipos BRS 336 (36%) e CNPA BA 2015-2553 FL (38,78%). Com relação ao caráter COMP, a maioria dos genótipos avaliados obteve valores classificados como fibras médias (30 – 32 mm), com destaque para a cultivar BRS 336 (32,77mm) classificada como fibra longa. Para o caráter resistência da fibra (RES), foram formados três agrupamentos, sendo as maiores médias obtidas pelos genótipos BRS 336 FL (37,03 gf/tex), CNPA BA 2016- 1060 FL (36,29 gf/tex), CNPA BA 2015- 1575 FL (35,48 gf/tex). Os genótipos CNPA BA 2016-316, CNPA BA 2016-1294 e CNPA BA 2016-3788, por possuírem atributos agronômicos e tecnológicos de fibras desejáveis, foram selecionadas como linhagens promissoras e eleitas para participarem do VCU de 2021.

Palavras-chave: Melhoramento, Cultivares, Qualidade de Fibras



DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO CULTIVADAS NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO, BRASIL

Wagner Bastos dos Santos Oliveira^{1*}; Diego Pereira do Couto¹; Jéssika Santos de Oliveira¹; Sheila Cristina Prucolli Posse²; José Henrique Soler Guilhen¹, Iasmine Ramos Zaidan¹; Adésio Ferreira¹; Marcia Flores da Silva Ferreira¹

¹ Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre-ES, Brasil. *wobastos@yahoo.com.br

² Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão. Vitória-ES, Brasil.

O estado do Espírito Santo tem uma predominância da agricultura familiar, que ocupa em torno de 80% dos estabelecimentos agrícolas da região. Neste sistema, torna-se fundamental o desenvolvimento de variedades adaptadas aos ambientes locais, como por exemplo, as variedades crioulas. Com o passar dos anos de cultivo em uma mesma área, as variedades crioulas tornam-se diversas em sua composição genética e adaptadas às condições bióticas e abióticas particulares às áreas cultivadas, se tornando responsáveis pela soberania alimentar da agricultura familiar capixaba. Diante disso, objetivou-se neste estudo avaliar a diversidade genética de variedades crioulas de milho cultivadas no Espírito Santo quanto aos caracteres fenológicos, agrônômicos e de rendimento. Foram avaliadas 73 variedades crioulas de milho cultivadas no estado do Espírito Santo, juntamente com quatro variedades comerciais de milho cultivadas em todo Brasil. O experimento foi conduzido em delineamento em blocos completos casualizados, com três repetições e parcelas contendo três fileiras de 2 m lineares de comprimento, espaçadas 1,0 m entre si. As variáveis fenológicas avaliadas foram florescimento masculino e feminino e protandria, as variáveis agrônômicas avaliadas foram altura até a espiga principal, altura da planta e diâmetro do colmo, os caracteres de rendimento avaliados foram o peso das espigas sem palha, peso de 1000 grãos e produtividade. Para as análises de diversidade genética foram realizadas as estimativas de correlação obtidas pelo método de Pearson, empregando o teste t para examinar a significância das estimativas ao nível de 0,1%, 1% e 5% de probabilidade. Em seguida, realizou-se as análises de Coordenadas Principais (PCoA), onde os cálculos de distância entre os pares de matrizes foram realizados pelo método de distância euclidiana média padronizada e o método de agrupamento utilizado foi o de ligação média entre grupos. As análises foram efetuadas com o programa R. Como resultados, as correlações entre os caracteres fenológicos e entre os caracteres fenológicos e agrônômicos são positivas e em sua maioria significativas. Já as correlações entre os caracteres fenológicos x caracteres de produção são negativas e em sua maioria significativas. No resultado das PCoA's observa-se que as variedades 10, 57, 50 e 17 são as que mais se distanciam dos dois grupos formados, acredita-se que isso ocorra devido a influência fenológica, onde as variedades 10, 57 e 50 são tardias e a 17 é superprecoce. Como conclusão, as variedades crioulas de milho cultivadas no estado do Espírito Santo apresentam alta variabilidade genética e potencial fenológico, agrônômico e de rendimento semelhante a variedades comerciais de milho, podendo ser inseridas como genótipos promissores em programas de melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: *landraces*; conservação; melhoramento genético;

Agradecimentos: INCAPER, FAPES, CAPES e CNPQ.



DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE NA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DOS FRUTOS DO TOMATEIRO

Danilo Pereira Batista¹; Eduardo William de Araújo Costa¹; Jardel Oliveira Santos¹

¹Coordenação de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal do Maranhão.

*E-mail do autor apresentador: danilo.per.bat@gmail.com

A ampla variação para características qualitativas e quantitativas no tomateiro garante variabilidade suficiente para ser uma hortaliça cultivada sob diferentes condições edafoclimáticas. Desse modo, objetivou-se estabelecer grupos de diversidade genética com base na caracterização morfológica dos frutos de dez acessos de tomate *S. lycopersicum* da Coleção de tomates do Centro de Ciências Agrárias e Ambientais - CCAA, da Universidade Federal do Maranhão - UFMA. A condução do experimento foi feita em casa de vegetação na Unidade de Apoio à Pesquisa do CCAA, UFMA, no período março a agosto de 2018. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com dez tratamentos e três repetições com uso dos seguintes descritores de fruto: Forma do fruto – FF, cor do fruto – RF, Formato do trono – FT, número de lóculos – NL e Forma da cicatriz do pedúnculo – FC, a moda de cada descritor foi obtida para caracterização dos frutos de tomate. Os dez acessos de tomate *S. lycopersicum* caracterizam por exibir forma do fruto Piriforme (30%), Achatada (20%), Cilíndrico (10%), Arredondado (10%), alto arredondado (10%), Ameixa (10%) e Ligeiro achatado (10%). A cor amarela do fruto (60%), vermelho (30%) e laranja (10%). O formato do trono, destaca-se o outro (80%), rodada (20%) e número de lóculos variando entre 2 lóculos (80%) e 3 lóculos (20%). Na forma da cicatriz do pedúnculo, os tomates da coleção possuem a forma de ponto (80%) ou estrelado (20%). O dendrograma baseado na distância média entre grupos, evidenciou a formação de cinco grupos de divergência genética entre os dez acessos de tomates (*S. lycopersicum*) da "Coleção de tomates do CCAA/UFMA", com base no corte de 47% de dissimilaridade genética. O primeiro grupo foi composto pelos acessos UFMA19, UFMA39 e UFMA20, possuindo semelhanças relacionados ao comprimento do fruto, largura e massa; o segundo grupo: UFMA04 e UFMA40; o terceiro grupo: UFMA39, UFMA03 e UFMA36, sendo a largura do fruto e a espessura da polpa a principal similaridade entre os acessos; o quarto grupo, UFMA28, possuindo elevada divergência entre os demais, destacando-se o comprimento e massa; e UFMA34, o quinto grupo, o qual manteve-se separada dos demais grupos formados, pelo fato de acesso possuir pouca semelhança em relação aos outros tomateiros avaliados. Evidencia a formação de pelo menos cinco grupos de diversidade genética com base nas características de fruto entre os acessos da "Coleção de tomates do CCAA/UFMA" com potencialidade para uso futuro da variação genética para forma do fruto.

Palavras-chave: *S. lycopersicum*; Dissimilaridade; Melhoramento Vegetal.

Agradecimentos: Ao Centro de Ciências Agrárias e Ambientais da UFMA pelo suporte físico para instalação e condução do experimento. A UFMA pela concessão da bolsa de IC.



DIVERGÊNCIA E CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DE CARACTERES DE FRUTOS ENTRE ACESSOS DE TOMATEIRO

Danilo Pereira Batista¹; Eduardo William de Araújo Costa¹; Jardel Oliveira Santos¹

¹Coordenação de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal do Maranhão.

*E-mail do autor apresentador: danilo.per.bat@gmail.com

O tomateiro é uma importante oleácea que exibe uma grande variação para de formas, tamanhos, cores e largura dos frutos. Coleções de germoplasma expressam em seu cultivo uma variedade de características, as quais auxiliam em análises entre acessos destacando a contribuição relativa na determinação de variáveis divergentes ou similares entre os materiais. Assim, objetivou-se estimar a diversidade genética, com base em características de fruto em dez acessos de tomate *S. lycopersicum*. Os acessos são provenientes do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, atualmente incorporados a Coleção de tomates do Centro de Ciências Agrárias e Ambientais - CCAA, da Universidade Federal do Maranhão – UFMA no Laboratório de Genética e Recursos Genéticos Vegetais - GENEAL. O experimento foi realizado em casa de vegetação na Unidade de Apoio à Pesquisa – UPA do CCAA, UFMA, no período de agosto de 2018. Foram avaliados quatro descritores de fruto: comprimento do fruto - CF, largura do fruto - LF, massa do fruto – MF e cor do fruto - RF. Dentre os dez acessos de tomate (*S. lycopersicum*) avaliados evidenciam pelo menos 7 formas de frutos, 3 tipos de cores do fruto, número de lóculos variando entre 2 e 3 e formato da cicatriz do pedúnculo alternando entre ponto e estrelada, para as características qualitativas avaliadas dos frutos. UFMA 36 e UFMA 28 correspondem os acessos mais divergentes, levando em conta os valores obtidos (0,8737); e UFMA 19 e UFMA 38, são os acessos mais similares (0,0602). O comprimento do fruto (52%), a massa do fruto (38%) são as características mais descritivas para evidenciar a diversidade dos tomates, junto explicam 90% da variabilidade dos dez acessos de tomates conservados na coleção de sementes do CCAA/UFMA. A largura do fruto (5%) e espessura da polpa (4%) foram as menos determinantes. Desse modo, UFMA 36 e UFMA 28 são os acessos mais indicados para obtenção de populações segregante com variabilidade para atributos de frutos.

Palavras-chave: *S. lycopersicum*; Morfologia; Recursos genéticos.

Agradecimentos: Ao Centro de Ciências Agrárias e Ambientais da UFMA pelo suporte físico para instalação e condução do experimento. A UFMA pela concessão da bolsa de IC.



VARIAÇÃO GENÉTICA PARA ALTURA DE BROTAÇÕES EM *Myracrodruon urundeuva* Fr. Allemão E *Astronium fraxinifolium* Schott

José Cambuim^{1*}; Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota¹; Marcela Aparecida de Moraes²;

Elton Moreira de Souza¹³; Alonso Ângelo da Silva¹; Darlin Ulises González Zaruma¹; Daniele Fernanda Zulian¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹Universidade Estadual Paulista, UNESP, Câmpus de Ilha Solteira, Faculdade de Engenharia.

²Faculdade de Ciências Agrônômicas/FCA-UNESP; ³Faculdades Integradas de Três Lagoas, AEMS. *E-mail josecambuim@hotmail.com.

As estratégias de manejo florestal contribuem na obtenção de resultados promissores na produção. Após o corte das plantas ocorre a emissão de brotações, que no desenvolvimento inicial depende dos nutrientes do solo e da luminosidade para o seu crescimento. Dentre as espécies arbóreas do Cerrado, destaca-se *Myracrodruon urundeuva* Fr. Allemão (aroeira) e *Astronium fraxinifolium* Schott (gonçalo-alves), ambas pertencentes à família Anacardiaceae, possuem ampla distribuição geográfica, grande porte, importância madeireira, econômica e ecológica. Os estudos de variação genética são imprescindíveis, principalmente, quando espécies como *M. urundeuva* e *A. fraxinifolium* apresentam madeira pesada e resistente, o que desperta grande interesse econômico, ocasionando a exploração intensa e consequente redução de suas populações naturais. O objetivo do trabalho foi estimar a variação genética para altura em brotações de *M. urundeuva* e *A. fraxinifolium*, após o desbaste realizado em 2016. Para o presente trabalho, foi mensurada, em setembro de 2020, a altura total (ALT, m) das brotações de *M. urundeuva* e *A. fraxinifolium* que cresceram nas bases das progênies cortadas. As análises dos parâmetros genéticos foram obtidas utilizando-se o procedimento REML/BLUP e o delineamento de blocos casualizados com 28 tratamentos (progênies), quatro repetições e quatro plantas por parcela (cepas provenientes do desbaste) em cada uma das espécies. Houve diferenças genéticas entre as alturas das brotações nas progênies de *M. urundeuva* e *A. fraxinifolium*. As médias variaram de 2,00 m (*A. fraxinifolium*) a 2,29 m (*M. urundeuva*). Os valores de herdabilidades foram consideradas medianas, variando de 0,50 (*M. urundeuva*) e 0,68 (*A. fraxinifolium*). A variação genética foi detectada nas brotações de *M. urundeuva* ($CV_{gi} = 25,8\%$) e *A. fraxinifolium* ($CV_{gi} = 30,7\%$). Dessa forma, os resultados obtidos sugerem a utilização dessas informações em programas de conservação genética e para ampliar o conhecimento sobre o manejo das espécies arbóreas nativas.

Palavras-chave: aroeira; conservação genética; gonçalo-alves.

Agradecimentos: Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, Faculdade de Engenharia, FEIS/UNESP. Associação de Recuperação Florestal do Pontal do Paranapanema, Pontal Flora.



POTENCIAL PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE *UROCHLOA* spp. EM AMBIENTE SEMIÁRIDO

Bárbara Silveira Leandro de Lima¹; Maria de Fátima Nascimento dos Santos²; Antônia Claudiane Alves Lima³; Fábio Mendonça Diniz⁴; Diego Barcelos Galvani⁴; Magno José Duarte Cândido¹; Luíce Gomes Bueno⁴.

¹Universidade Federal do Ceará. ²Universidade Estadual Vale do Acaraú. ³ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará. ⁴Embrapa Caprinos e Ovinos *E-mail do autor apresentador: barbara_silveiraleandro@hotmail.com

Uma das possibilidades de aumentar a disponibilidade de forrageiras adaptadas na região semiárida é por meio da introdução e utilização de espécies forrageiras com histórico potencial de tolerantes à seca, para avaliações de adaptação nas condições da região. Dentre essas forrageiras merece destaque o capim-corrente (*Urochloa mosambicensis*) que é uma forrageira perene, tolerante à seca e regiões quentes, boa produtividade, interessante para exploração em programas de melhoramento genético. Objetivou-se ampliar o conhecimento a respeito de genótipos de *U. mosambicensis* e outras espécies do gênero, buscando por características agronômicas com adaptação ao clima semiárido, em longo prazo com oportunidades futuras de geração de novas cultivares. O trabalho foi realizado na Embrapa Caprinos e Ovinos, no município de Sobral- CE. Adotou-se um delineamento em blocos completos ao acaso, com 15 tratamentos sendo duas testemunhas - Paiaguás e Piatã (cultivares comerciais da espécie *Brachiaria brizantha* (Syn. *U. brizantha*), com três repetições. Os genótipos foram avaliados nas épocas chuvosa e seca quanto à altura de plantas (Alt, cm); densidade populacional de perfilhos (DPP, número de perfilhos/m²) e peso verde total da biomassa (PVT, kg/ha). Para época seca, o genótipo que mais se destacou no PVT foi o UmCO-8(1) (1750 kg/ha) e que não diferiu estatisticamente das testemunhas, já na época chuvosa, UmCO-8(1) e UmCO-14(2) apresentaram resultados superiores e estatisticamente semelhantes aos dois genótipos controles (5511 e 4858 kg/ha, respectivamente). Na época chuvosa e seca, 46,7 e 33,3% dos genótipos superaram a média de produtividade. Para a DPP, os genótipos que demonstraram maiores médias foram UmCO-8(1) e UspCO-25 (674,66 e 522,67 perfilhos/m²) na época seca e UmCO-8 e UbCO-17 na época das águas (809,33 e 808,66 perfilhos/m², respectivamente). Vale ressaltar que o maior número de perfilhos favorece a persistência e perenidade do pasto. Para altura de plantas 40% dos genótipos apresentaram médias acima da média tanto no período seco como no chuvoso, sendo os de maiores alturas UmCO-8(1), UmCO-11(2) e UmCO-14(2). Existe variabilidade genética entre os genótipos avaliados de *Urochloa*. Os genótipos que mais se destacaram tanto na época chuvosa quanto seca foram UmCO-8(1) e UmCO-14(2), apresentando desempenho semelhante às das cultivares melhoradas em todas as variáveis estudada na condição semiárida.

Palavras-chave: *Urochloa mosambicensis*; melhoramento genético; semiárido.

Agradecimentos: Embrapa Caprinos e Ovinos e a CAPES.



VARIAÇÃO GENÉTICA PARA CARACTERES DE SILVICULTURAIS EM POPULAÇÃO NATURAL DE *Copaifera langsdorffii* Desf.

Shaline Séfara Lopes Fernandes^{1*}; Thayne Danieli Schmidt Zolin¹; Julielen Zanetti Brandani¹; Etenaldo Felipe Santiago¹; Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota²; Zefa Valdivina Pereira³; Tauane Catilza Lopes Fernandes⁴

¹Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Câmpus de Cassilândia, UEMS.

²Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, FEIS/UNESP

³Universidade Federal da Grande Dourados, UFGD.

⁴Universidade Federal do Ceará, UFC.

*E-mail shaline_sefara@hotmail.com.

A crescente fragmentação florestal no Brasil evidencia a importância dos estudos de variabilidade genética em espécies nativas para a restauração e conservação de populações naturais. Nesse cenário, destaca-se a espécie *Copaifera langsdorffii* Desf. (Fabaceae), conhecida popularmente como copaíba ou pau-óleo, ocorre em áreas de Floresta mesófila semidecídua e em Cerradão. É uma árvore de grande porte, com importância madeireira, ecológica e principalmente na extração de óleo (bálsamo) com propriedades terapêuticas e anti-inflamatórias. O objetivo do trabalho foi estimar a variação genética para os caracteres de silviculturais de altura total (ALT) e diâmetro a altura do peito (DAP) em uma população natural de *C. langsdorffii*, localizada na região do município de Amambai - MS. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando-se delineamento de blocos inteiramente casualizados com 48 tratamentos (árvores matrizes) e três repetições, com base no procedimento REML/BLUP, via modelos lineares mistos. Os caracteres silviculturais de ALT e DAP apresentaram uma média de 13,14 m e 0,21 cm, respectivamente. Foram detectadas diferenças significativas entre as árvores matrizes para ambos os caracteres avaliados. As herdabilidades de parcelas individuais, no sentido amplo, foram de 0,69 para ALT e 0,53 para DAP. Os valores de acurácia foram altos de 0,82 (ALT) e 0,73 (DAP), o que representa precisão experimental e reflete a confiabilidade nos resultados. O caráter ALT seria o mais favorável para a seleção ($CV_r = 0,86$). As diferenças entre as árvores matrizes foi expressa no coeficiente de variação genética para ALT (32,34%) e DAP (38,85%), indicando controle genético e possível obtenção de ganho na seleção. Dessa forma, a população natural de *C. langsdorffii* apresenta variação genética para os caracteres silviculturais estudados, o que indica a sua utilização em programas de conservação genética e melhoramento florestal.

Palavras-chave: copaíba, conservação genética; melhoramento florestal.

Agradecimentos: Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Câmpus de Cassilândia, UEMS. Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, Faculdade de Engenharia, FEIS/UNESP.



RESISTÊNCIA DE CUCURBITA SPP. AO FUSARIUM SOLANI

Rita de Cássia Souza Dias¹; Joice Simone dos Santos²; Pedro Martins Ribeiro Junior³; Geovani Bernardo Amaro⁴; Tiago Lima do Nascimento⁵; Carla Maria de Jesus Silva⁶; Echeley Islany da Silva⁶

^{1,3}D.Sc. e Pesquisadores da Embrapa Semiárido. ²D.Sc. Professora do Instituto Federal de Crateús. ⁴D.Sc. e Pesquisador da Embrapa Hortaliças. ⁵Doutorando da Universidade Estadual de Feira de Santana, bolsista FAPESB/CAPES. ⁶Dra e Bolsista CNPq/Embrapa Semiárido. ⁷Graduanda da Universidade de Pernambuco-Campus de Petrolina. Email: rita.dias@embrapa.br.

Este trabalho teve como objetivo avaliar a reação de genótipos de *Cucurbita* spp. ao *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1 (Fsc1). Os dois experimentos foram conduzidos em casa de vegetação na Embrapa Semiárido, Petrolina-PE. Os genótipos foram provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Abóbora e Jerimum Caboclo (BGC) da Embrapa Semiárido. Os genótipos foram plantados em vasos contendo 500 mL de substrato comercial para hortaliças, em blocos casualizados com 10 repetições, a unidade experimental composta por uma planta. A inoculação ocorreu aos 10 e 45 dias após o plantio. Para a inoculação, o isolado Fsc1 foi cultivado em meio Batata Dextrose Agar (BDA) por 15 dias, a 25 ° C e fotoperíodo de 12 h. Antes da inoculação, o colo de cada planta foi ferido por um conjunto de três agulhas desinfetados de 3 mm. Em seguida, um disco de meio de cultura de 5 mm de largura, contendo estruturas do patógeno, foi depositado sob algodão umedecida com água estéril, fixando-as com fita de alumínio ao redor do colo da planta. O inóculo permaneceu em contato com as plantas por 72 horas. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em casa de vegetação. No Experimento 1, foram avaliados 11 genótipos, sendo sete de *C. maxima*: BGC010, BGC685, BGC381, BGC249, BGC622, BGC082, BGC385; e quatro de *C. moschata*: BGC567, BGC530, BGC830, BGC814. No experimento 2, avaliou-se 17 genótipos de *Cucurbita* spp.: dois genótipos comerciais (híbrido ES0061 e variedade ES0062) e 15 genótipos de BGC (oito de *C. maxima*: BGC010, BGC685, BGC381, BGC249, BGC622, BGC692, BGC495, BGC447; seis de *C. moschata*: BGC567, BGC530, BGC830, BGC814, BGC620, BGC186; e um híbrido experimental de *C. maxima* x *C. moschata*: ES0030). Foram mensurados os seguintes parâmetros: comprimento, largura e profundidade da lesão e a severidade da doença, avaliada por uma escala de notas de 1 a 5 (onde 1 = planta sem sintomas - altamente resistente (AR); e 5 = planta morta - altamente suscetível (AS)). A alta frequência de plantas resistentes a Fsc1 foi encontrada nos genótipos BGC622, BGC620, BGC567, BGC530, BGC186, BGC381, BGC692, BGC082, ES0061 e ES0062. Além do uso em programas de melhoramento de abóbora, os genótipos avaliados poderão ser utilizados no desenvolvimento de porta-enxertos de melancia.

Palavras-chave: Patógeno do solo; Germoplasma; Cucurbitacea

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES, FAPESB



**Assuntos transversais de interesse à mais
de uma área.**



Conservação in situ e on farm de recursos genéticos através do programa GIAHS da FAO

Marcello Broggio¹; Patricia Goulart Bustamante²

¹Food and Agriculture Organization FAO. ²Embrapa Alimentos e Territórios. ³Instituição.

*E-mail do autor apresentador:

A conservação e uso sustentável dos Recursos Genéticos para Alimentação e Agricultura (GRFA) é o mandato da Comissão Intergovernamental IC/GRFA no âmbito da FAO. Um recente estudo sobre o estado da pesquisa destacou que a conservação *in situ* e *on farm* mostra avanços lentos e inferiores ao desejável. A FAO iniciou em 2008 um programa de reconhecimento internacional de sistemas de agricultura tradicional (*Globally Important Agricultural Heritage System*, GIAHS) que visa promover a conservação dinâmica dos Sistemas Agrícolas Tradicionais (SATs) e seus RGs a nível sistêmico e holístico. A riqueza em agro biodiversidade em termos de leque de espécies cultivadas e espécies silvestres manejadas, e a diversidade intraespecífica (variedades tradicionais) é um dos critérios definidores de GIAHS, junto com a autonomia alimentar, o conhecimento tradicional, a organização social, os aspectos culturais relacionados com as práticas agrícolas, e o manejo das paisagens produtivas. Outro aspecto inovador do GIAHS é a obrigação aos detentores do sistema reconhecido de implementar um Plano de Ação de Conservação Dinâmica do Sistema Agrícola elaborado pelas próprias comunidades detentoras do SAT reconhecido. No eixo da biodiversidade, as ações previstas podem incluir resgate de variedades ameaçadas ou sua reintrodução junto a bancos de germoplasma, parcerias com centros de pesquisa e desenvolvimento (P&D) para o monitoramento da variabilidade em campo, melhoramento genético participativo, entre outros. Sendo os SATs por sua natureza dinâmicos, as comunidades podem também prever o enriquecimento do leque de variedades e espécies através de trocas com outras comunidades ou SATs, ou em parceria com centros de P&D e bancos de germoplasma. Até hoje, o programa conta com 62 SATs reconhecidos em 22 Países, entre os quais alguns abrigam Centros de Origem e Diversidade dos Cultivos de acordo com o mapeamento e numeração de regiões de N. Vavilov (1935): México (Região R1: milho, tomate, pimenta etc.), Peru (R 2: batata, quinoa), Chile (R. 2: batata, quinua, chalotas, oca) Irã (R4: *Vitis* spp.), Índia (R7: açafrão, arroz), China (R8: arroz, chá, entre outros). O primeiro GIAHS do Brasil foi reconhecido em março de 2020: se trata do SAT da Serra de Espinhaço Meridional, conhecido como o sistema das Apanhadoras de flores sempre-vivas. O potencial de P&D nos territórios reconhecidos como GIAHS são inúmeros em diversas áreas temáticas e disciplinares, com ênfase nas abordagens interdisciplinares e participativas. Para geneticistas e conservadores de RGs abre-se a oportunidade de monitorar ao longo do tempo a evolução de sistemas abertos de uso em condições inerentemente árduas, a evolução de alelos raros em condições de câmbio climático severo, a capacidade de inserção de germoplasma reintroduzido, entre outros. Do ponto de vista das comunidades detentoras dos SATs, promove-se a ampliação das conexões com o conhecimento científico, com possibilidade de alavancar o desenvolvimento de novos conceitos e modelos de conservação de recursos genéticos. Igualmente importante, é contribuir para a manutenção desses SATs, dando-lhes condições de permanecerem no presente e impulsioná-los para o futuro.

Palavras-chave: Conservação on farm; Conhecimento local; Sistemas Agrícolas Tradicionais



IMPLEMENTAÇÃO DE UM SISTEMA DE GESTÃO DA QUALIDADE NA COLEÇÃO DE BASE DE GERMOPLASMA-SEMENTE DA EMBRAPA

Juliano G. Pádua¹; Marise V. Coutinho¹, Heloisa S. Frazão¹, Clarissa S. P. de Castro²; Cássio C. S. Curi¹; Leonel G. Pereira Neto¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ²Embrapa Sede (SDI/GGIQ) juliano.padua@embrapa.br

Sistemas de Gestão da Qualidade (SGQ) de bancos de germoplasma tem dois objetivos gerais: garantir o atendimento a padrões técnicos e a melhoria da qualidade administrativa, técnica e operacional. O SGQ se aplica a todas as operações do banco de germoplasma, envolvendo aspectos legais (nacionais e internacionais) e normativos, de pessoal, infraestrutura e de ambiente, gerenciamento de dados e procedimentos operacionais, além da elaboração de documentos e controle de registros. A Embrapa, a partir de 2016, implementou o projeto QUALIVEG, que envolve 9 bancos da área vegetal, dentre estes a Coleção de Base de Germoplasma-semente (Colbase), que conserva cópia de segurança do germoplasma semente conservado pelos BAGs e coleções da Embrapa e de instituições parceiras. Foram definidos Requisitos Corporativos de Qualidade (RCQ) em conjunto com a Coleção in vitro e a Coleção Criogênica que, assim como a Colbase, fazem parte do Banco Genético da Embrapa. Os RCQ foram estabelecidos com base em normas internacionais e de acordo com as especificidades de cada coleção. Foram elaborados e/ou atualizados procedimentos operacionais padrão para as atividades desenvolvidas na Colbase: Incorporação de Acessos; Teste de Germinação; e Monitoração dos Acessos Armazenados, além de outros documentos como Utilização, Organização e Limpeza do Laboratório; Plano de Resposta a Segurança, Incidentes, Acidentes e Saúde e o Manual de Gestão da Coleção. Como o papel da Colbase é conservar a variabilidade genética de diversas espécies em longo prazo, é essencial que se tenha uma avaliação de risco envolvendo questões relacionadas à segurança física do prédio, dos empregados e colaboradores, dos dados e informações armazenados e do germoplasma conservado. Para cada ameaça identificada, foram estabelecidas medidas para mitigação e respostas imediatas e emergenciais que devem ser executadas, garantindo que a equipe esteja ciente e treinada para assumir suas responsabilidades. Foram realizados acompanhamentos anuais do plano de implementação dos RCQ. Com a finalização do atual projeto QUALIVEG, terá início, no próximo ano, um novo projeto para que as ações implementadas nos últimos anos tenham continuidade. Com a implementação dos RCQ foi possível garantir a qualidade do material conservado, além de aumentar a confiabilidade e a rastreabilidade dos dados gerados. Com isso, a Colbase pode garantir que as atividades executadas tenham máxima eficiência e eficácia, de forma que o germoplasma conservado possa estar prontamente disponível aos curadores de bancos e coleções com a máxima qualidade fisiológica.

Palavras-chave: qualidade; conservação; sementes

Agradecimentos: Embrapa



A GESTÃO DA QUALIDADE NOS RECURSOS GENÉTICOS DA EMBRAPA: IMPLEMENTAÇÃO, MONITORAMENTO E AVANÇOS

Clarissa Silva Pires de Castro^{1*}; Marise Ventura Coutinho²; Heloísa da Silva Frazão²; Samuel Rezende Paiva²; Denilson Anthonisen³; Aline Saraiva Teixeira⁴; Andreia Cassilha Andrigueto Venturoli¹; Gustavo Simão Lima¹

¹Embrapa Sede (SDI/GGIQ). ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ³Embrapa Clima Temperado. ⁴Embrapa Agroindústria Tropical. *E-mail do autor apresentador: clarissa.castro@embrapa.br

A conservação de recursos genéticos animais, vegetais e microbianos é uma prioridade para a Embrapa, pois essas espécies são a base biológica da segurança alimentar mundial e a matéria-prima para os programas de melhoramento. Para garantir a qualidade desses materiais e a validade dos resultados de PD&I associados a eles, a Embrapa vem desde 2012 estruturando e organizando suas coleções, bancos e núcleos de conservação por meio de um programa de implementação e monitoramento de requisitos de gestão da qualidade. 37 pilotos de 18 Unidades participam atualmente do programa, que vem sendo executado por meio de projetos de desenvolvimento institucional e uma ação gerencial corporativa. O programa está sob a responsabilidade da Gerência de Gestão Integrada da Qualidade, conta com a participação do Comitê de Gestão da Qualidade e da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e é composto por sete etapas: definição dos requisitos de qualidade aplicáveis; realização de diagnósticos iniciais para mapear o estado da arte da implementação; treinamento e sensibilização das equipes; elaboração, execução e acompanhamento de planos de implementação; realização de diagnósticos de acompanhamento para verificar os avanços na implementação; reconhecimento do nível de maturidade em gestão da qualidade com a concessão de selos de qualidade de PD&I e disseminação dos resultados alcançados. Nos acompanhamentos dos planos até 2019, verificou-se que os 37 pilotos concluíram juntos 1.032 ações de qualidade. Desses, 11 coleções microbianas e 6 bancos ativos de germoplasma já estão no último estágio do programa, sendo que seis alcançaram níveis de excelência em gestão da qualidade, obtendo níveis médios de atendimento de requisitos de 96%. Avanços expressivos foram observados principalmente em documentos; registros; pessoal; instalações laboratoriais e de campo; condições ambientais; equipamentos e rastreabilidade de medição; amostras, acessos, animais, materiais de referência e insumos. A análise destes resultados permite identificar a construção de um padrão de qualidade para a gestão dos recursos genéticos, garantindo: harmonização de procedimentos e processos gerenciais e técnicos; atendimento às regulações de biorrisco e acessibilidade; adequação às normas nacionais e internacionais de qualidade e geração de produtos, tecnologias e serviços rastreáveis e certificados.

Palavras-chave: gestão da qualidade; recursos genéticos; padronização.

Agradecimentos: Embrapa.



IMPLEMENTAÇÃO E MONITORAMENTO DOS REQUISITOS DO MODELO CORPORATIVO DE GESTÃO NA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS PATOGENICOS A CAPRINOS E OVINOS DA EMBRAPA

Patrícia Yoshida Faccioli-Martins^{1*}; Raymundo Rizaldo Pinheiro¹; Jamile Bezerra de Araújo¹; Jan Riella¹, João Ricardo Furtado¹

¹Embrapa Caprinos e Ovinos. *patricia.yoshida@embrapa.br.

A Embrapa, desde 2012, vem investindo na implementação de requisitos de qualidade nas coleções. Nessa época a Coleção de Trabalho de Microrganismos Patogênicos a Caprinos e Ovinos (CT-CMPCO) integrou o projeto GestCOL, no qual teve seu diagnóstico inicial dos requisitos mínimos em 2013, atendendo a 21% dos 28 itens avaliados. O Modelo Corporativo de Gestão para as Coleções de Microrganismos da Embrapa foi apresentado à equipe da coleção em 2014, sendo dividido em 13 capítulos, dos quais um refere-se aos Requisitos Corporativos da Qualidade, com os seguintes itens a serem atendidos: Documentos, Registros, Treinamento e Capacitação, Instalações e Condições Ambientais, Equipamentos, e Amostras e Insumos. Com a finalização do projeto GestCOL e continuação das ações pelo projeto QualiMicro, a CT-CMPCO iniciou em 2016 suas ações de implementação dos requisitos corporativos de qualidade definidos pelo Modelo Corporativo, buscando adequá-la às normas nacionais e internacionais, a fim de garantir a conservação de seu patrimônio genético. O acompanhamento das atividades da CT tem sido realizado por videoconferências, reuniões presenciais e *e-mail*. As informações do Modelo Corporativo tem sido adquiridas pelo pesquisador responsável e difundidas para os demais membros da equipe por meio de treinamentos internos e reuniões de acompanhamento. No mesmo ano, a equipe da CT-CMPCO recebeu treinamento sobre o modelo corporativo e elaborou o plano de implementação 2016-2018, em que se definiu, para cada uma das 32 atividades exigidas, as pessoas responsáveis e os prazos de alcance. No plano existem 41 atividades, porém nove não se aplicam a CTs. O plano de implementação foi melhorado, sendo dividido por planos anuais (2016, 2017 e 2018) e tendo acompanhamentos bianuais. A coleção concluiu até 2019 a implementação de 29 (90,6%) atividades, e estava com 03 (9,4%) atividades em andamento. As 224 cepas adicionadas ao banco foram cadastradas no AleloMicro. A dificuldade encontrada nesse processo foi a incorporação do entendimento de qualidade e dos requisitos pela equipe, com uma formação técnica que não contemplava essa experiência prévia. O desafio foi adequar essas normas com a infraestrutura existente, os recursos disponíveis e o pessoal da coleção. Por outro lado, esse projeto possibilitou a estruturação das CTs, por meio da capacitação dos seus responsáveis, do intercâmbio entre os profissionais e uniformização dos procedimentos, encorajando a equipe e facilitando a implementação dos requisitos. No mês de outubro, com a finalização do projeto QualiMicro em 2020, a CT-CMPCO está passando por novo diagnóstico de acompanhamento, com o objetivo de avaliar o seu avanço sete anos após a realização do diagnóstico inicial. Por conta da pandemia esse diagnóstico está sendo realizado de forma remota pelos auditores do projeto.

Palavras-chave: modelo corporativo de gestão; caprinos e ovinos; qualidade.

Agradecimentos: À Embrapa pelo suporte financeiro, à Funcap por concessão de bolsa de Iniciação Científica BICT/Funcap e a todos da Unidade que tem contribuído com as ações.



INSUFICIÊNCIA DE PIMENTAS ORNAMENTAIS NO BRASIL

Gérson do Nascimento Costa^{1*}; Gisele Holanda de Sá¹; Leonardo Castelo Branco Carvalho¹; Verônica Brito da Silva¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *gerson.nascimento@live.com

O interesse, o cultivo e a comercialização de pimentas ornamentais aumentaram no mundo e estas têm a vantagem do uso polivalente, ou seja, podem ser utilizadas frescas, como especiarias ou em conserva. A variada cor da folhagem e os frutos coloridos que caracterizam pimentas ornamentais garantem uma exibição vívida e brilhante em jardins que rivalizam com outras ornamentais. As pimenteiras que apresentam aspectos decorativos são tendências no mercado de paisagismo no Brasil, mas mesmo a pimenta ornamental tendo boa aceitação, existem poucas variedades comerciais destinadas a ornamentação no país. No Brasil são comercializadas pela Isla Sementes, as pimentas, Espaguetinho, Pirâmide, Etna e Stromboli. Pela Feltrin Sementes, as pimentas, Mayara ornamental, Floribela e pimentão *Gracepurple* e pela Top Seed Agristar são comercializadas as pimentas redonda e picante ornamental. Variedades estrangeiras também podem ser encontradas em lojas virtuais de sementes e mais raramente em floriculturas tais como: *Prairie Fire*; *Explosive Ember*; *Sangria*; *Calypso*; *Numex Centennial*; *Garda Tricolore*; *Black Pearl*; *Black Olive*, *Purple Flash* e o pimentão *Cajun Belle*. Nos Estados Unidos, pelo menos duas novas variedades foram lançadas, por ano, nas últimas décadas. Muitas variedades estão disponíveis para consulta no site do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos, lançadas, especialmente, pelo Serviço de Pesquisa Agrícola, sendo uma das mais recentes, a pimenta *Christmas Lights*. A diversidade do gênero *Capsicum*, associada à poucas pimenteiras ornamentais disponíveis no mercado, devem estimular programas de melhoramento na busca por plantas com potencial para ornamentação. Entretanto, para a condução de programas de melhoramento, primeiramente é de extrema importância a manutenção, conservação e caracterização da diversidade genética de acessos presentes bancos de germoplasma. As coleções de germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado, Universidade Federal da Paraíba, Universidade Federal de Viçosa, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Universidade Federal do Piauí e Universidade Federal do Maranhão têm se destacado em estudos de pré-melhoramento e melhoramento visando fins ornamentais em pimenteiras, no entanto, as poucas pimenteiras ornamentais disponíveis no mercado brasileiro são de floriculturas e empresas de produção de sementes, sendo, portanto, importante novos estudos de conservação, pré-melhoramento e melhoramento de pimentas ornamentais ou com potencial para ornamentação por parte da iniciativa pública, para assim, garantir novos produtos ao setor floricultor que sempre carece de novidades.

Palavras-chave: Floricultura; Germoplasma; Variabilidade.



VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

RECURSOS GENÉTICOS E BIOECONOMIA: INOVAÇÃO PARA UM FUTURO SUSTENTÁVEL